

**PCT**

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/00</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655</b> <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 23. September 1999 (23.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00909 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. März 1999 (19.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 13 835.0      20. März 1998 (20.03.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE  <b>(57) Abstract</b> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.</p> <b>(57) Zusammenfassung</b> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

25

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.



Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

- 10 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

- 15 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

- 20 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.

- 45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten  
5 BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die  
10 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als  
15 Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
20	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

## Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-

15

Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden

20

Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.

25

Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
20	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254
30	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
35	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
	Lunge	0.0074			
50	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0462			
65	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0542			

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:  
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
20	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
50	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			



## 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
20	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
25	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duennndarm	0.0156			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390 0.1363
10	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629 6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771 12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565 1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729 2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0154		
	Gehirn	0.0313		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0371		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0012		
55	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
60	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
65				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000	undef
	Gehirn	0.0093	0.0044	2.1288	0.4698
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0064	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35		%Häufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
45		%Häufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
20	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321	4.3086
30	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0530			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
55	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0245
50	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Vernaelttnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0291			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0558

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5462	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Vergleichenisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Häufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
45	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0198
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
25	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142
	Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838
20	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886
	Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefaessee	0.0041			
40	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0245			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5749	0.6350
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0277
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
40	Herz-Blutgefasse	0.0368
	Lunge	0.0407
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0228
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	-Foetal	0.0280
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.1393

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550	3.9208
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0128	0.9322	1.0727
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0183
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0192
65	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
10	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0366	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroenre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957	10.4512
10	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0118	0.6321	1.5821
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0192	1.2429	0.8046
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
60		
65		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0618			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1632			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
25	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
40	Lunge	0.0185
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
60	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Vernaelttnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535
15	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1058			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0977

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0408
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0852

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
60	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroenre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.1494	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.1472			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
55	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiseroenre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
25	Duendarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0297			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0251			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0615			
55	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
40	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0227
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennaarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
50	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef		
	Brust	0.0213	0.0044	4.8926	0.2044		
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967		
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0191	0.4784	2.0902		
	Gastrointestinal	0.0019	0.0190	0.1018	9.8248		
10	Gehirn	0.0034	0.0066	0.5161	1.9377		
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000		
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033		
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0150	0.1066	0.1404	7.1232		
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364		
	Uterus	0.0182	0.0071	2.5529	0.3917		
	Brust-Hyperplasie	0.0254					
25	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
40	Lunge	0.0370					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							
65							



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0059	0.0011	5.4187	0.1845
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0446	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0208	0.0068	3.0391	0.3290
20	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0383			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0111
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duennaarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0155

60

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
15	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
25	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
35	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0307
Gastrointestinal	0.0123
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0171
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0078
Lunge	0.0246
Nerven	0.0271
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
25	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0697			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
15	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
20	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0155
60		



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
15	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
20	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
30	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
40	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
45	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
45	Haematopoetisch	0.0236
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0074
50	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
65	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0872			
	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
20	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0051	0.0033	0.0033	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	0.0024	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0077	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock-Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0105	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0100	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0077	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60							
65							



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
15	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.6986
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0195	0.0164	1.1854	0.8436
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0115	0.0142	0.8073	1.2386
	Duennndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0111	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0076	0.0448	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 163

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0041	0.0030	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0680			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 165

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 167

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0141	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0010	1.7408	0.5745
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0112	0.0275	0.4061	2.4624
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0191			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 169

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0012	0.0030	0.3868	2.5851
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0197			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0194	0.0056	3.4442	0.2903
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0069	0.0140	0.4974	2.0106
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 172

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0137	0.0107	1.2883	0.7762
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0090	0.0645	15.5103
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0192	0.3778	2.6466
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0037	4.1750	0.2395
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0132	0.0052	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0322	0.0918	10.8939
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0014	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0089	0.0000	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0203			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 175

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0312	0.0047	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.1277	0.1383	7.2297
	Gehirn	0.0220	0.0100	2.2050	0.4535
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0244	0.0275	0.8861	1.1286
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0078	0.0037	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0145	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Prostata	0.0075	0.0078	0.9647	1.0366
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0103	0.0046	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0375			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0353			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0202	0.0026	7.2014	0.1389
	Dickdarm	0.0057	0.0142	0.4037	2.4773
10	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0058	0.0020	2.9013	0.3447
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
65	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0089	0.1811	5.5227
	Gehirn	0.0023	0.0050	0.4642	2.1542
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0026	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 178

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0070	0.0042	1.6699	0.5988
	Dickdarm	0.0172	0.0114	1.5138	0.6606
10	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0019	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959
15	Herz	0.0112	0.0137	0.8122	1.2312
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0214	0.0240	0.8905	1.1229
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Prostata	0.0104	0.0182	0.5685	1.7591
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz

eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

#### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).



### Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

#### Brust Normal

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	174/F/16				
12	388/D/5	393/M/24	494/B/3	502/B/23	
13	<u>203/A/1</u>	<u>233/B/22</u>	392/L/10	<u>311/J/7</u>	
15	<u>248/C/14</u>	266/E/16	<u>528/D/3</u>	<u>266/E/17</u>	<u>506/P/12</u>
19	113/G/13	191/B/19	202/O/3	250/O/19	
21	137/H/19	231/I/10			
22	165/N/5	208/D/7			
26	6/L/15	11/I/17	117/E/15		
28	<u>501/L/21</u>	<u>367/D/6</u>			
31	<u>369/H/21</u>	<u>429/I/13</u>			
34	108/M/13				
37	289/C/11				
42	59/A/20				
43	<u>325/J/11</u>	<u>448/O/2</u>	<u>563/F/18</u>		
57	4/G/9				
58	229/O/21	233/F/12			
59	97/P/23	109/A/1	125/H/9		

60	<u>503/P/21</u>		
61	<u>3/P/21</u>	188/B/9	
63	176/A/22		
69	425/E/10		
71	178/I/19	242/B/6	242/B/11

TABELLE I

lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeld t n Sequenz (bp)
1	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neuer humaner Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört.	"TPR"-Region	unbekannt	unbekannt	205	2031
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		3q29	zwischen D3S1265 und D3S1311	248	1081
3	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte.		15q26.1-qter	SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718	247	1318
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	731
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		15q26.1-qter	D15S120-15qter	237	2719
10	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett-spezifisches Protein 27) der Maus.		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	1471

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
13	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1).	"ZINC_FIN GER_C2H 2_2"- Domäne	6q23.3-q24.3	zwischen D6S308 und D6S978	214	2738
14	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane SGN3 (die Untereinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms).	"PCI_DOM AIN"	17p12-q11.2	sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798	225	1710
15	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs.	"LIM"- Domäne	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC4-259 und SHGC-33782	228	3159
16	im normalen Brustgewebe erhöht	Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFIB2).		unbekannt	unbekannt	249	1680
18	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Dermatopontin.		1q12-q23	unbekannt	188	1722
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	1612
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.1	SHGC-32865; zwischen SHGC-3911 und SHGC-36303	248	1304

lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
22	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix.		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1533
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1304
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2403
25	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2517
26	im normalen Brustgewebe erhöht	Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors.	"neur_cha n"-Domäne	5q34	AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539	268	1668
28	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuralen Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte.	"UPF0005"	2q35	SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163	244	1768

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
29	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane $\beta$ -Spectrin.	"PH"-Domäne und "Spectrin"-Domäne	2p16.1-16.3	zwischen D2S123 und D2S378	247	3479
30	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p21.2-p21.3	SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564	88	933
31	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2)" des Hamsters dar.	"LM"-Domäne	12p11.21-q13.11	zwischen D12S1648 und D12S1620	269	2783
32	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A.	"KH"-Domäne und "TUDOR"-Domäne	17q22	zwischen D17S790 und D17S794	265	3411
33	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert.		12p12.3-p13.33	zwischen D12S93 und D12S77	244	1393
34	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q25.1	SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1	258	1236
35	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "obese protein" (ob).		7q31.3	zwischen D7S686 und D7S530	237	749

I fd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
36	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Duffy-Antigen (DARC-Gen).		1q22	zwischen D1S484 und D1S426	271	1251
37	im normalen Brustgewebe erhöht	Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure-Identität zu S3-12, einem Plasma Membran-assoziiertem Protein, das während der Fettzellen-Differenzierung exprimiert wird.		unbekannt	unbekannt	199	3283
38	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz.		7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2720
39	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	"crystallin"-Domäne und "HSP20"-Domäne	11q23.1-q23.2	zwischen D11S1893 und D11S938	247	1036
40	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane extrazelluläres Protein S1-5.	"EGF_CA"-Domäne	2p11.1-12	zwischen D2S2371 und D2S388	265	2659
41	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Lipoprotein-Lipase.	"Lipase"-Domäne	8p22-p23.1	zwischen D8S261 und D8S258	252	2939

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
42	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis).		8p11.21-p12	zwischen D8S1791 und D8S268	404	3670
43	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q23.32-q25.1	WI-14063	259	1025
45	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus.		unbekannt	unbekannt	328	538
47	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Plazenta "copper monamine oxidase".		17q12	SHGC-3147	256	360
48	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"HSP20"-Domäne	1p36.13-p36.23	zwischen D1S434 und D1S507	157	2192
49	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "ras-like protein".	"ras"-Domäne	2p16.3-p21	zwischen D2S391 und D2S123	305	2952
50	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	615
51	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q12.1-q13.1	SHGC-35409; WI-7266 - D11S2006	290	1488
53	im normalen Brustgewebe erhöht	Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen.		11q21.1-q22.3	D11S1339	289	2262



Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Mark_r	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
54	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane B4-2 Protein.		6q16.2	SHGC-31472	306	1301
56	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase".		4q33-q35.2	zwischen D4S408 und D4S426	269	1265
57	im normalen Brustgewebe erhöht	Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)".		12q22	AFM263ZD1; zwischen SHGC-15767 und SHGC-9350	247	274
58	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q22.3-2q23.2	SHGC-36777	270	2073
59	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob-Genfamilie.		21q11.1-q21.1	SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256	205	850
60	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2091
61	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zum Kryn-Gen der Maus.	"SH3"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	2952
62	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11p15.3	AFM166zel; zwischen SHGC-5993 und SHGC-13819	223	2313

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
63	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q24.1-q24.3	SHGC-1305; zwischen CHLC.GATA22H09 und WI-7620	192	1650
64	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zur UMP-CMP-Kinase des Schweins.	"Adenylate-kinase"	1p32.3-p36.12	SHGC-36697; zwischen D1S2843 und D1S417	223	2851
65	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		4p15.1	WI-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179	221	1071
66	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane cAMP Phosphodiesterase.	"PDEase"	8q13.1	CHLC.GATA86D08; zwischen SHGC- 9281 und AFMa084wc5	199	2375
67	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Antigen CD 36.	"CD36"- Domäne	7q11.23	sWSS1455	221	1823
68	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens.		7p22.3	SHGC-34866; zwischen SHGC- 10715 und SHGC- 32510	248	2403
69	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		5p15.33	zwischen D5S477 und D5S426	230	1246
71	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Protein, das eine SH3-Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation.		8p21.3	SHGC-30970	263	1950

Lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der ang meldeten Sequ nz (bp)
72	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A.		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	814
74	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox-18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen.		unbekannt	unbekannt	264	747
76	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17p13.3-q25.3	AFM163yg1	296	2419

Lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
161	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 1	"RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"-Domäne; "TPR_Region TPR repeat"; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	unbekannt	unbekannt	205	3096
162	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4	"CNH"-Domäne; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	1987
163	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 10		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
164	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 11	"TK"-Domäne	17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
165	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 12	"Polyoma_coat2"-Domäne	2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	2770

Lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Läng EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
166	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 15	LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782	228	4242
167	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 19	"UPF0024"-Domäne	1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	2640
168	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 22		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1558
169	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 23		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1388
170	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 24	"ribonuclease_T2"-Domäne	10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2416
171	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25	"TK"-Domäne	2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2720
172	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 38	"ig"-Domäne	7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2987
173	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	892

Lfd. Nr.	Expr ssion	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Läng EST (bp)	Läng der angemeldeten Sequenz (bp)
174	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.51	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	11q12.1-q13.1	SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006	290	1679
175	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.60	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2411
176	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.61	"SH3"-Domäne; "IL-6"-Domäne; "toxin_2"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	3450
177	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.72		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	874
178	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"PH"-Domäne	9q34.11-q34.12	stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159	242	3265

## TABELLE II

**DNA-Sequenzen****Seq. ID. No.****Peptid-Sequenzen****Seq. ID. No.**

1	77
2	78
	79
	80
	81
3	82
4	83
5	84
10	85
11	87
12	88
13	89
14	90
15	91
18	92
19	93
21	95
22	96
23	97
24	98
	99
25	100
	101
	102
	103
28	104

**DNA-Sequenz n**  
**Seq. ID. No.****Peptid-Sequenzen**  
**Seq. ID. No.**

30

105

106

107

31

108

34

112

37

113

42

114

43

115

116

117

45

119

48

122

50

124

125

51

126

53

128

54

129

57

131

58

132

133

59

135

60

137

61

138

62

139

140

141

63

142

143

144

145

64

146

65

147

68

148

69

149

150

71

151

72

152

153

154

155

156

74

157

76

158

159

160



**DNA-Sequenzen****S q. ID. No.**

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

**P ptid-Sequenz n****S q. ID. No**

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

##### (ii) TITEL DER ERFINDUNG:      Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

##### (iii) Anzahl der Sequenzen:    183

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

##### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

##### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

##### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

##### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAAGTCACT GGGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCATCT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTCTGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCTTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TGCGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCCG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCC GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCCAAG TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCATATGA GGAATTCCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGC GGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCTTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATACCAAG GCCAGGGAGT GGTTCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGCGCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGT CAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCCTTTT CATTTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTCTC 540
ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAAC TA GTTGTAAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACACATAA CTCAGATTTT TACAGGAGAC AGTGGTTTTT 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A 1081

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCAATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120
GCCCCGGGCC GCGGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTGAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAAGTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
CTTTCACGTG TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
AAGTAAAAGG A

```

731

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCCT TTTTACTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
CACTGCAATT TTATTTTTGA GTTGGGACTT TTACAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCT TAGGAAAAAA TACTTGCCA 720
TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAA 780
CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840

```

CACAGGTTCC	CTGGCACTGG	TAGGGTAGAT	GATTATTGGG	AATCGCTTAC	AGTACCATTT	900
CATTTTTTGG	CACTAGGTCA	TTAAGTAGCA	CACAGTCTGA	ATGCCCTTTT	CTGGAGTGGC	960
CAGTTCCTAT	CAGACTGTGC	AGACTTGCGC	TTCTCTGCAC	CTTATCCCTT	AGCACCCAAA	1020
CATTTAATTT	CACTGGTGGG	AGGTAGACCT	TGAAGACAAT	GAAGAGAATG	CCGATACTCA	1080
GACTGCAGCT	GGACCGGCAA	GCTGGCTGTG	TACAGGAAAA	TTGGAAGCAC	ACAGTGGACT	1140
GTGCCTCTTA	AAGATGCCTT	TCCCAACCCT	CCATTTCATG	GATGCAGGTC	TTTCTGAGCT	1200
CAAGGGTGAA	AGATGAATAC	AATAACAACC	ATGAACCCAC	CTCACGGAAG	CTTTTTTTGC	1260
ACTTTGAACA	GAAGTCATTG	CAGTTGGGGT	GTTTTGTCCA	GGGAAACAGT	TTATTAAATA	1320
GAAGGATGTT	TTGGGGGAAG	AACTGGATAT	CTCTCCTGCA	GCCCAGCACC	GAGATACCCA	1380
GGACGGGCCT	GGGGGGCGAG	AAAGGCCCCC	ATGCTCATGG	GCCGCGGAGT	GTGGACCTGT	1440
AGATAGGCAC	CACCGAGTTT	AAGATACTGG	GATGAGCATG	CTTCATTGGA	TTCATTTTAT	1500
TTTACACGTC	AGTATTGTTT	TAAAGTTTCT	GTCTGTAAAG	TGTAGCATCA	TATATAAAAA	1560
GAGTTTCGCT	AGCAGCGCAT	TTTTTTTAGT	TCAGGCTAGC	TTCTTTCACA	TAATGCTGTC	1620
TCAGCTGTAT	TTCCAGTAAC	ACAGCATCAT	CGCACTGACT	GTGGCGCACT	GGGGAATAAC	1680
AGTCTGAGCT	AGCACCACCC	TCAGCCAGGC	TACAACGACA	GCACTGGAGG	GTCTTCCCTC	1740
TCAGATTCAC	CTGGAGGCCC	TCAGACCCCC	AGGGTGCACG	TCTCCCCAGG	TCCTGGGAGT	1800
GGCTACCGCA	GTAAGTTTCTG	GAGAGCACGT	TTTCTTCATT	GATAAGTGGA	GGAGAAATGC	1860
AGCACAGCTT	TCAAGATACT	ATTTTAAAAA	CACCATGAAT	CAGATAGGGA	AAGAAAGTTG	1920
ATTGGAATGG	CAAGTTTAAA	CCTTTGTTGT	CCATCTGCCA	AATGAACTAG	TGATTGTCAG	1980
ACTGGTATGG	AGGTGACTGC	TTTGTAAGGT	TTTGTGTTTT	CTAATACAGA	CAGAGATGTG	2040
CTGATTTTGT	TTTAGCTGTA	ACAGGTAATG	GTTTTTGGAT	AGATGATTGA	CTGGTGAGAA	2100
TTTGGTCAAG	GTGACAGCCT	CCTGTCTGAT	GACAGGACAG	ACTGGTGGTG	AGGAGTCTAA	2160
GTGGGCTCAG	TTTGATGTCA	GTGTCTGGGC	TCATGACTTG	TAAATGGAAG	CTGATGTGAA	2220
CAGGTAATTA	ATATTATGAC	CCACTTCTAT	TTACTTTGGG	AAATATCTTG	GATCTTAATT	2280
ATCATCTGCA	AGTTTCAAGA	AGTATTCTGC	CAAAAGTATT	TACAAGTATG	GACTCATGAG	2340
CTATTGTTGG	TTGCTAAATG	TGAATCACGC	GGGAGTGAGT	GTGCCCTTCA	CACTGTGACA	2400
TTGTGACATT	GTGACAAGCT	CCATGTCCTT	TAAAATCAGT	CACTCTGCAC	ACAAGAGAAA	2460
TCAACTTCGT	GGTTGGATGG	GGCCGGAACA	CAACCAGTCT	TTTTGTATTT	ATTGTTACTG	2520
AGACAAAACA	GTACTIONCTG	AGTGTTTTTT	AGTTTCCTAC	TGGTGGTTTT	GATATTGTTT	2580
GTTTAAAGAT	TATATTTAGA	ATGACATCAT	CTAAGAAGCT	GATTTTGCTA	AACTCCTGTT	2640
CCCTACAATG	GGAAATGTCA	CAAGAATGTG	CAAAAATAAA	AATCTGAGGA	AAAAACCCAA	2700
AAAATTCCTA	AAGAGAATG					2719

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1107 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggccggggca gccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccggggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc 120
cccggtagaag agaagctcgc ccatacccg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgttatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatcctgc tggagagcga caagaagctc 300
acccagggaac aagtatctga caggggacga ggcacccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tcctatgata 480
tgactgctg tggggccaaag cgcatactga aggaagcttt ccgctggggc ctcttcagca 540
tgaggccac aggccacgta ctgcttgga cctcctgtta cctgcagcag ctccctcgatg 600
ctacggagga agggcagccc cccaaggga aggcctcacc ccttatcccg acctgtctga 660
agatactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgcag gacctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactggtc ctgaagtctg tcctccatt ggcataagt ctgcccctca 960
gcagtccggc ctcacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatat tagcatgtga tattaggag tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa
1107

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aaggaggagg 60
gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatgggtag gtagggggca cagttagt 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagg 180
tccctcctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctcc 240

```



```

gggaaggcctt taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
tgggtctcag tgcagaggga cagtgactgt ggatgggttg agtctctggg gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggctgtg agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtggggt tgggggtggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt ggggggggtg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aataccctc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgc 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtgggtgact gaggttccct tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta tttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc cccctgccct cccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
catctctccc tcatttctgg agcagggcct gagaccctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgcctc ttttgacat taaaggttga ttgatgcaaa acaactttac aacgggggtg 1020
cttggggaag cctgggggtg gccggccttat ggggttgcg cg 1062

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
acacctttat ccctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaagggtcta 120
tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgta gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
catacatttc tccagttggg ttgctctttg ctggttgaag taataaaccg ttttaaagag 240
aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgcctt caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
atccagcaag caaactttga ggtgctaata aaagtaaagg aagggtggtat ttctagtttt 360
ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggtc tggctgcttt 420
ctaccaaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatggtgaa cactacatat 480
tttatagatt gttaagtga gaattaatta gtttatcat ggatggctac taataccaag 540
ctcatgattg ttgagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaagg 600
ggagaaaccc ttatatattg caaactgtcc attcgtaaaa tttattgtaa cctaatacca 660
aaaactgccg tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgctac 720
ttgtaaaata acccttctta gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgct 780

```

```

tcatttttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacattttaag ataaaaattag 840
cttgtgctaa gtgttttaaa aacattgttt actgttaaag gggaattgca cattatatatt 900
aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
tgtaggctgt gggagctttg ccataggttag atacaatgta gaagtatact tttttaaaagc1020
atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggttag aggacattat tattcaaaggi1080
attatgcaca gctcagtgaa gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattat1140
tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgctt tgctccctga ttgtgcaaag1200
cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatat1260
tcagtactac tgaggatgtt tttctgagga tgtttttgtt ctgctggatt aagttatttt1320
ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgt1380
acagtcagtg taaatgtttt tcatttacat gttttcatta tatcagctta tcaaattcct1440
ataaaaaaaa attcatagat ttcatttaaa c
1471

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gtccgtgcc agcatgctac cctgggaggc acatccaggc ttgggaaacg ggggtgtcct 60
ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttcct cttccaagta gacttccgtt 120
cccccccccac ttgggtgttt ttgtttgttt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
aaagataact ttgtgtgtct ctccctttct aggtatttgc ataggaatca gaggagttaa 240
tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaaact ctgggaggac tgggtccatg 300
cctcgcagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaattg gctacccatt ctccccagaa 360
atctcaccag tgtgtctact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc tgaaaaacca 420
cctccagacc cagcacccca acaaaatggc ctttgggtgt gaggagtgtg ggaagaagta 480
caacaccatg ctgggtctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggacct 540
cacctgtggg gtctgtgcc tggagctagg gagcaccgag gtgctactgg accacctcaa 600
agcccatgcg gaagagaagc cccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
ctgtgaaaga tgcttctaca cccggaagga tgtgcgacgc cacctggtgg tccacacagg 720
atgcaaggac ttctgtgtgc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctcac 780
cggcataacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagcttgc agaccggaga 840
ccttctgagc accttcaca ccattctgcc ttcattccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
tcctttccct ttaggagctt ctgcccagaa cgggcttgca agtagcttgc cagctgaggt 960

```

```

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcagc cgctgccaga1020
gtccctggcc tccctccacc cctcggtatc ccctggctct cctccgccac cccttcccaal080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctccccactt gcaagcctgc ccctcaaagc1140
agatactaaa ggTTTTtGca atatcagttt gtttgaggac ttgcctctgc aagagcctcal200
gtcacctcaa aagctcaacc caggTTTTga tctggctaag ggaaatgctg gtaaagtaaa1260
cctgccccaa gagctgcctg cagatgctgt gaacctaaaca atacctgcct ctctggacct1320
gtccccccctg ttgggcttct ggcagctgcc cctcctgct acccaaaata cttttgggaal380
tagcactctt gccttggggc ctgggggaatc tttgccccac aggttaagct gtctggggca1440
gcagcagcaa gaacccccac ttgccatggg cactgtgagc ctgggccagc tccccctgcc1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggctctgcc atcctgcctc atttccatcal560
tgcattcaga taattgattt ttaaagtgtat ttttctgtat tctggaagat gttttaagaal620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttgga aacgagactg ggactatggc1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgcc1740
aatctgtcct gagtggtcat gctttgtacc aaatttaatg aacgcgtgtt ctgtaatcaal800
actgcaaata ttgtcataac caacatccaa atgacggct gctatatata agtgtttgtc1860
atatggaatt taatcgtaag ccatgatcat atgtttaact aaataacttt atgtggcact1920
gcctagtaag ggaactatgg aaaggTTTTg atttctccaa atctgggaga attttcaaaa1980
taagaaaata accTTtatat gatatactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggaatt2040
tttctacctt cagggttgga tgtagttag ttactattac catagccaac ctgtagtttt2100
acataacat tttcttgTgg agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaaagt2160
agtttgaata ttttccacaa gatgctgcaa tgtgagttat cacttcattt atcttaaaga2220
aagactaaac tggttgtcag ttacatctga cagaaaaaaa aaaaaaatca ctgtgtaacc2280
aggTTaagtG gtaaaataat ccaggcgTca gtcaaaggca ttttgctgac ttaaatattg2340
atttatTTTT taacaggaat ttaagaaaat attactggaa ttaaaaaatat atatatatta2400
aacaagaatt ttctttgctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctta2460
agtattgttt gtaatcacca ataaataagt gcatttgtaa ttcacagtc attattagct2520
tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggatctta2580
ttaatgagtt ttaaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt cttatgtttt2640
tagaggcttt tccgtaaaca tatatcttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa2700
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa

```

2738

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1710 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cgccgcggcc cctcctccca gagcggcagc cttttcccg cgcgtgctgcc ttcgcgcgtc 60
gggcccggcc ggggaaaaca tggcgtctgc cctgggagcag ttcgtgaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaact 180
ccttgccaag aacttatccc atctggacac tgtgctcggg gctctggatg tacaagaaca 240
ctccttgggc gtcttgcgtg ttttgtttgt gaagttttct atgccagtg ttcctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgcaaca gacacttttg ctgggctttg ccctcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcattttc gagagccct gcgaggaatt ggcctcctta agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaaccagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc ccttccatat cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtca tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat ttagtgtct 840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac ccttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattc gaggctaaca 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggt cagtttccat gataaccttg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgctg aagtgcattg agctggatga gcgctgaaa 1320
gccatggacc aggagatcac agtgaacct cagtttgtac aaaagagtat gggctcaca 1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1440
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1500
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1560
tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaaa ctttaaagtc 1620
tgtcgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa 1710

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtggaaagaa gctgtgctct tcctgtgggc ttcttttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat ttccacatcc agtggttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaga tgcagtgagt gggacggatg ttaggattcg aaatgggtctc ctgaactgta 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgccg ggcagcctac aacattgtga cacggctttc 300
aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctccagcattt acctaatctt tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt ttggggtttt 480
tggttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tgggggttgta atgatactga 540
atagctcaaa aaagggtttta gcatggtcaa acaggcttat ggtttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggtct tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt acctttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggaag ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga ttacactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata ttccagtcac catttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaa agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgtca cccttgctgg 1260
caagttctcc ttaagggcct gaagcacagg tgtccaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtggtatat gatgtgtgca gcccctggtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctctccatt ctccatcact 1440
ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gtttagagag gaactcttgt 1500
ggagagctgg ttatttttct gccctgtgag acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgtgttaal 1620
gactggggaa agggggacta ttatttctgc cttaaatcaa tggcaaataa gtcaagatga 1680
cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatgg 1800
ctagcgatta ttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtgc 1860
gaaatttctc cagccactgg agggatttct accatatattg tcatttggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgtt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgctgt ttacaggaa aaaataaaaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaacctattt atacatattt cttagttagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcca actgtttcta tttatatattg atttatatatt catttgaggt 2580
ctgtttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataattgagta 2640
tgatctattt cttttcaaat aatcttttag atcccaggaa aaaaaaatg ctctgtcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttaa aaaaacagtg aggcaagtga gtgttattt 2760
gttcctgagg aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt ccctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tcaactagcg acttccatga catttccttt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagtatatc atacacagtg taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtgtt ctatatcggt tatactaact ttcatthaaa gtatttatcc taaaatgcct 3060
ctgagaaaca gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa

```

3159

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
aataatttga tgcattctgga atttatattt ctcatattgt ttagattttt aacattgtat 60
ttttttcttt tttcttccct ccttgctgcc tctctcctct caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggg tcttttccaa gtgtcaaata ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataatt ggagaacctt tcttcaagc agaaacaagc aactgaggga 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatcgagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggttttagtat tcttgttgtt 600
tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaattttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa cccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta ttttccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gcctccttgg aggtagaatt tattttatta aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacctatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag ttacaaact gggaacgccal 1380
gggtgtagga tataaaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
tgcatgggtg tttcagacat tagccttgtt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aatttttaatt aaaaataact 1560
tttcagtaa tcctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
```

atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

cattgtttgc	caaaatccca	ggcagcatgg	acctcagtct	tctctgggta	cttctgcccc	60
tagtcaccat	ggcctggggc	cagtatggcg	attatggata	cccataccag	cagtatcatg	120
actacagcga	tgatgggtgg	gtgaatttga	accggcaagg	cttcagctac	cagtgtcccc	180
aggggcaggt	gatagtggcc	gtgaggagca	tcttcagcaa	gaaggaaggt	tctgacagac	240
aatggaacta	cgctgcatg	cccacgccac	agagcctcgg	ggaacccacg	gagtgtctgt	300
gggaggagat	caacagggct	ggcatggaat	ggtaccagac	gtgctccaac	aatgggctgg	360
tggcaggatt	ccagagccgc	tacttcgagt	cagtgtctgga	tcgggagtgg	cagttttact	420
gttgctcgcta	cagcaagagg	tgcccatatt	cctgtctggct	aacaacagaa	tatccaggtc	480
actatgggtga	ggaaatggac	atgatttcct	acaattatga	ttactatatc	cgaggagcaa	540
caaccacttt	ctctgcagtg	gaaagggatc	gccagtggaa	gttcataatg	tgccggatga	600
ctgaatacga	ctgtgaattt	gcaaattgtt	agatttgcca	cataccaaat	ctgggtgaaa	660
ggaaaggggc	cggggacagg	agggtgtcca	catatgttaa	catcagttgg	atctcctata	720
gaagtttctg	ctgtctctct	tcctttctcc	tgagctggta	actgcaatgc	caacttctctg	780
ggcctttctg	actagtatca	cacttcta	aaaatccaca	attaaaccat	gtttctcact	840
tttcacatgt	ttcatagcaa	ctgctttata	tgactgatga	tggttctctt	gcacaccaca	900
tatacagtg	gcatgcttac	agccgggctt	ctggagcacc	agctgcagcc	tggtctactgc	960
tttttactgc	agaatgaact	gcaagttcag	catagtggag	gggagaggca	gaactggagg	1020
agaggtgcag	tgaaggttct	ctacagctaa	gcctgtttga	atgatacgta	ggttccccac	1080
caaaagcagg	ctttctgccc	tgagggacat	cttcccactc	ccctgctcca	catgagccat	1140
gcatgcttag	caatccaagt	gcagagctct	ttgctccagg	agtgaggaga	ctgggaggtg	1200
aaatggggaa	atggaagggt	ttggaggcag	agctgaaaac	agggttgga	ggatttcctg	1260
aattagaaga	caaacgttag	catacccagt	aaggaaaatg	agtgcagggg	ccaggggaac	1320
ccgtgaggat	cactctcaaa	tgagattaaa	aacaaggaag	cagagaatgg	tcagagaatg	1380
ggattcagat	tgggaacttg	tggggatgag	agtgaccagg	ttgaactggg	aagtggaaaa	1440
aggagtttga	gtcactggca	cctagaagcc	tqccccagat	tcctaggaag	gctggcagac	1500
accctggaac	cctggggagc	tactggcaaa	ctctcctgga	ttgggcctga	tttttttggt	1560
gggaaaggct	gccctgggga	tcaactttcc	ttctgtgtgt	ggctcaggag	ttcttctgca	1620

gagatggcgc tatcttttcc cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680  
 ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

ggccatggaa attaaagttg aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gacttttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatgggc 120
aaaagtcagt gtatgcagta agtttctaatac acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaacttctaa gacaagcctc agagagaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccctttta caggcctaca accccacaga 300
gagaaacggt gacccctgga ccaaactttc aagaaaggat aaagattaaa actaatggac 360
tgggtatttg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tggctctttca gaggaaaggg 420
gaaacaactt caatcacatc agtcccattc cgccagtgcc tcatccccga tcagtgatc 480
aacaagcaga agagaagctt cacacccgcg aaaaaaggct aatgactcct tgggaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc ccagagaga 600
caatatttgg gaaatctgaa caccagaatt cttcaccac ttgtcaggag gacgaggaag 660
atgtcagata taatatcgtt cattccctgc ctccagacat aaatgatata gaaccggtga 720
caatgatattt catgggggat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tgggatcatc catgctgagc tggtttgtat tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaa ccgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgtacc 900
agccagccaa accaacacca ctctctagaa aaagatcaga agctagtccct catgaaaaca 960
caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatctctgaa agagcaagaa gaaagcttag1020
gcagccctgt ccaccattcc ccatttgatg ctccagacaac tggagatggg actgagggatc1080
catccttaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggtg atctaagagt1140
tgtaccacct atataaacat cctttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct1200
tctggatatt ttgtttatatt tttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat1260
taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa ttccccaaaaa gctgggggaaa1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt ggggggaaaac cagcattttt1380
tattctattg ataccaaagc atttctaata agagcttggt aaatttaaga ataaagttat1440
ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg1500

```



```

aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagtat tcaactctga caaataaata1560
tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcttgctaaa aa 1612

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

agaagtcccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60
tggtgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccggggac accatagact 120
atgtgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggttg 180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcaccct gcggaaccgc aagggtcttg 240
tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg 300
aagtgtacaa gcagggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt 360
tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg 420
acacctgggg gctggtgccc tactccaagc ccatcaccac tgttggtggg gagcccatca 480
ccatccccaa gctggagcac ccaaccacgc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540
tgagggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gttcggcctc ccggagactg 600
aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggcccaatt ccctggagga accagctgca 660
aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tatttaaaag 720
aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt 780
cagtatttca agttctttca cttccagctt gccctgttct aggtgggtggc taaatctggg 840
cctaactctg gtggctcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgac aaaggaaact 900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt 960
tttgccccta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccccctt attgccacta1020
ccccacgctc gtctagtctt gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaagg ggaggagt1080
gagagcacag ttgccccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagt1140
atctcccttc tgccaccctt acctcaccct tagtcactca tatcgagcc tggactggcc1200
tccaggatga ggatgggggt ggcaatgaca gctgcaggg gaaagagctt tcgcccgtgg1260
acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta 1304

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gcgaggagct ggcacgcagc cagggccttt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtgg atgggtgatcc ccactttgtt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcaccttg tgcttcaaca ttgatgggca gcccggggac atcctcaggc tgggtctctga 180
tcacagggac tctggtgtca cagtgaacgg agagttaatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tggccacaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatcttg gatgggtggg acagactggt 360
gctcccttgc aaccagagtg tgggtgggtgg gagctggggg ctggagggtg ccgtgtctgc 420
caacgccaat gtcaccgtca ccattccagg ctccatagcc ttgtcatcc tcatccacct 480
ctacaaaaag ccggcgccct tccagcgaca ccacctgggt ttctacattg ccaacagcga 540
gggccttttc agcaactgcc acggactgct gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcagggc ccagccagaa cctcactcac cctctgtctc ttcaggtggg 660
agaggggcct gaggccgtcc taacagtga aggccaccaa gtcccagtgg tctggaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgctgg ttgcccagga acaatgccgc 780
caaactgatt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccatttg acacagggat 840
gacacttggc cagggaatgt ccagggagct ctgaagctgg cagccttaaa gatgcaagt 900
catgaaggac agtgatgtgg ggaggccgtg gggcagctct ttcatggct tgtacacgcc 960
tcagctcctg gcaattagct ggactccatg acccaccctt ggtgcagcat agatccgacg 1020
tctgtctggg cgaagggtag ggggtgggtg gggcggaag cctgagtga aatgtcattt 1080
ccctctactg cctcttctct cctctcccca ccctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggatcatagc aaatgcaaca aagtctgtat cttgtcccaa cctgcttttc tgttctgtta 1200
gcatatcata aagtaagcct ttctggtgaa ggaaggttgc tatgaaactt ttttcttgg 1260
tggaaatggc caagtttagg cactctgctt ttgccttac actaatgctt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgacgc cccagatgt gtggccaacc tctgtgcaa aggaatctct 1380
tgctgagtc aggccaccaa tcaggcaaat agcccatata ttgatcgtt gtaaaccatg 1440
aagtcttttc ttgcaagacg ttttctctct gctgtggtat cttgccctta aaaattagtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa

```

1533

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt 60
atthttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgctat tccagtcaat catgtcgagt 120
cactggactc tgaaaatcct attggttctt ttatthttatt tgagthttaga gthcccttct 180
gggtthtgat tatgtctggc aaatgacctg ggttatcact thtctctcag ggttagatca 240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc thtctgttgc tgtctcttgc 360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgccct gatagtagca tgtthtctgt 480
tctgatgtac cthththtctc thtctcttgg catcagccaa thcccgagaat thccccaggc 540
aattthttaga ggacctthttt ggggtcctat atgagccatg thctcaaagc ththtaacct 600
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga cactgtcat cctagaaggc thctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cthctctccg aggttgtgaa 720
agththtcaa ttgtactaat aggtctggggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgctth ctagatctct cccagtggag catggagggt thtctgaatt ttgtctacct 840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggct aaaaaatgat ggccccctga gctctthtga 900
agaaaggtag atgaaatatc ggatgtaatc tgaaaaaaag ataaaatgtg actthccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctthct tgggtcctca tgccacccca 1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactthcag atgtthgaca aagaggtacc 1080
aggcaaacct cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aattthcaaag gaaatggacc 1140
ctgctthttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcctcgatgt ctgtactgta aattthcta 1200
ttatcactgt acaaagaaaaa ccccttgcta thtaatttht tattaaagga aaataaagtt 1260
ttgtthtgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1304

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
gtccctggcg ccctgccttt agccgtgggg cccccacctc caccctctgg gtttcctagg 60
aatgtccagc ctccggagacc ttcacaaagc cttgggaggg tgatgagtgc tggtcctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgtttt gtttcgtttc tgtgatctcc cggcacgttt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctcctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaacctc cacgtgactg tttggtgcat cttgacctgg 300
gaagacgect catgggaacg aacttggaca ggtgttgggt tgaggcctct tctgcaggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tggccacac cctggctctc ctgcaggctc 420
acacaccttc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aagggcaggc tggctgcacg 480
gggagagggg agtattttgc cgaaatatga gaactggggc ctccctgctcc caggagactc 540
cagggccccc ctctcctccc acctggactt ggggggaact gagaaacact ttccctggagc 600
tgctggcttt tgcacttttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ccttctcttc 660
aggaacgtag atgtcggggg gtcttgccct ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacacct ggcaccttc cccagcactt gcattaccgt cctgctctt cccagggtgg 780
gacagtggcc caagcaaggc ctactcgca gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttgagca tctgccttgt gcctggcact ctgccgtgc cttgggaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttggtgtg atggaaagca 960
tgggacctgt cgtctcagcc tgttggtttc tcctcattgc ctcaaaccct ggggtaggtg 1020
ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttggaaac tcggcagcag agtttgtcca 1080
aatgacctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgccaaagg tcacttttct ttccctgcctt 1140
ctgctgtgag ccctgagatc ctctcccag ctcaagggac aggtcctggg tgagggtggg 1200
agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgctgtttg ttttttggg 1260
agagctttta aagaatgcat gtttttttcc tggttggaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gcttcaggta tggtaacaac aagtggggga ttttcatgct gaaccattca agccctcccc 1380
gcccgttgca cccactttgg ctggcgctcg ctggagagga tgtctctgtc cgcattcccc 1440
tgcagctcca ggctcgcgca gttttctctc tctccctgga tgttgagtct catcagaata 1500
tgtgggtagg ggggtggacgt gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggg tgtatttttc 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgctttgct cttgagaata gtttctcgtg tccccctcgc 1620
aggcctcatt ctttgaacat caactctgaa gtttgataca gataggggct gatagctgt 1680
ggtccccctc cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttggtccta 1740
cacgggactt ttagtttgcg aagggcctag atagggagag aggtaacatg aatctggaca 1800
gggagggaga tactatagaa aggagaacac tgccctactt gcaagccagt gacctgcc 1860
ttgaggggac attggacggg ggccgggggc ggggggttgg tttgagctac agtcatgaac 1920
ttttggcgct tactgattcc tccaactctc cccccacaa aataacgggg accaatatt 1980
ttaactttgc ctatttggtt ttgggtgagt tccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaagc tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaccaca ccaatgatat 2100
```

```

ttttctttgt aataacttgaa atttattttt ttattatttt gatagcagat gtgctatttta2160
tttattttaat atgtataagg agcctaaaca atagaaagct gtagagattg ggtttcattg2220
ttaattgggt tgggagcctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tgtgtatttg2280
tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgctagcttt caaacaggag atgcctttca2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaa2400
aaa
2403

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

cagagtgtgaaa ccttgtgcct ggtgacccaaa gtccctccaa agtgcctcttc cttctggggtt 60
attcaagcca aatatctggg ttccccctc tcctcatcc ctagcaaac ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccctt cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcgggtgat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctgggggtcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttctgtacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agccccctca 360
ctccagcctg agccatgtgt gccctgtcgg gaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga aggggttccc agtccccaca gtggccccac ctctgggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
atattgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaatctatct tactgttgtt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcatgg acatcgagc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
aggaagagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggaggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg1020
ggacctgcga aggaacacag ggaggaagtg agcggttga tcagcctgct atcacggtgt1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg1140
aaaggccttt gaccatgtc atctgagcgt ctccctcagt agctctgaaa gctgtggaca1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg1260

```

```

ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggag cccctcctgga1320
caagtgtgat cccctataa acggctctca ggaggtagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt1440
ggtgagtgat atcaaatcta gtctcactcc cacttttttag tctcactcct acttttgtcc1500
accacccctg cctcctggat cttctccac ttttttttc agcttttagga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagggt1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac ccaggtcca ggcctgga tcttgagact1680
cgcgtttcct tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgt1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaaactg ggagtcggg tggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaat tcaatgtgc ccagcagtga ggggagtcg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgatacccag gtgagaagtgt gttcaccagg1920
aggggcaggg tgggggcctc gggcagatct gtccctcttg gccctctgt cctcaaatgt1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tgttcatatc ccacgcctgg gctcttgcca gcagtggagt2040
tactgtagag ggatgtccca agcttgtttt ccaatcagt ttaagctgt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttg tgcgtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtgt2160
ttccccattt ctctcctccc ttcagaccca tcattgagaa caaatgtaag aaatcccttc2220
ccaccacctt cctgcctcc caggccctct gcgggggaaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccacccca gctgtgtatt tatatagatg gaaatatact ttatatattt tatcatcgtg2340
cctatagccg ctgccaccgt gtataaatcc tgggtgtatgc tccttatcct ggacatgaat2400
gtattgtaca ctgacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcggtatatt cacttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttggaaacc 300
tacgttcctt ccacttccct ggtggtgttg tcctgggttt cattttgat ctctctcgat 360
tcagtcctctg caagaacctg cattggggag aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420

```

```

taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacggtg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgttgat cactattcca aactactggt tcccttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcag gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaaatgta 960
ctcagggtct tttattcggt ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaa 1020
ggagaccatt gggtaaccct caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt 1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt 1140
tctagttttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tggaggtcaa 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca 1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaataata gtgaagaaaa 1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattccccat 1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat 1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ctttttccca tgcattggat gaaatggaag 1500
atTTTTTTTT aacttggtct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgaga 1560
attgagtcca ttttctagct gcctttattc acatagtgat ggggtactaa aagtactggg 1620
ttgactcaga gagtgcgtgt ccagtcgtgc attgctgcta ctctaaca 1668

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggccgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtggtatcc atttcagtca ccatcttctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
cacaggcctc ttctgtgtcc tgggaattgt gctcctgggt actgggattg tcactagcat 240
tgtgctctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggcat 300

```

```

ttgtttcacc ctgttccctgg cttacgacac acagctgggc ctggggaacc ggaagcacac 360
catcagcccc gaggactaca tcactggcgc cctgcagatt tacacagaca tcatctacat 420
cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tgcgaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
cccgatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tggctctggc 540
tttaggcccc ttctcttccc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
ggtaggcccc ctggctatgg atgtgtgggt acttgggtggg gacggaggag ctagggacta 660
actgttgctc ttgggtgggt tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
ctaactgtatg acaccacatt ctctctaaca gctgggggtg tgaggaatat gaaaagagcc 780
tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgaac ttcaaggtea cgaggttccc 840
ctcccacctc tgtcacaggg ttcttgacta cgtagtggga gctatttctt cccccagcaa 900
agccagagag ctttgtcccc ggctcctctg acacataggc cattatcctg tattcctttg 960
gcttggcctc ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccatgggt ctcttgctt 1020
caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggttaggga tgggggacag 1080
ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctgggct 1140
tgctcctggc ttgtgacgtc ataagacaga gcaggccaca tgtggccatc tgctccccat 1200
tcttgaaaagc tgttggggcc tccttgacag cttctggatc tctggtcaga gtgaactctt 1260
gcttctctgta ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
ggaagtagcc aggggtgaaga gagactcggg gcgggcaggg agaattgctg ggggtccctc 1380
acctggctag ggagataccg aagcctactg tggtaactgaa gacttctggg ttctttcctt 1440
ctgctaaccg agggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt cttaagttgc 1500
actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgtaata 1560
ttaagtgcct tgagctggaa tggggaaggg ggacaagggc cagtctgtcg ggtgggggca 1620
gaaatcaaat cagcccaagg atatgttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
atatcacaca aagggatata actataaatg taataaaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
aaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt

```

1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3479 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg ctctctcaat cggaaacacg agtgggaggc 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120

```



agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgctgcttct ggaattccct accacagcga 180  
gggtccctgtg agtttgaaag aagctgtctg cgaagtggcc ctgtattaca aaaagaagaa 240  
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtac ctcttccaag ccaaagacaa 300  
agagaagcgg tttagccttt ttggcaaaaa gaaatgaact cctttccttc acctcctgcc 360  
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420  
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttgggcg 480  
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540  
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600  
gaggcagctg caggaggatg cagcccgct ccaggcgcc tatgcggtg acaaggccga 660  
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtcctcc tggacgcctg 720  
tgagagccgc aggtgctggc tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc 840  
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900  
aagggatgta tcatctgttg aactcctaata cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag 960  
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa 1020  
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga ggaatggtta agactgattc tggaggtcca 1080  
agaaatgac gacaagtggg aagaccgatg ggcttggctg cttggacagg agcgtacct 1140  
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga cgaggtggag aagctcatca agcgcacga 1200  
atccagccga gagataggcc agagcgtgga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctgac 1260  
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga gcaagaggaa gaggagagga agaggcgcc 1320  
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca agaggaagcc gactcccagc agcagtggga 1380  
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg 1440  
tacttcaaaa ggagaacaag ttcccaaaa ggttcaacagg gctacagaac aaaggcagga 1500  
gatggcagaa acggtggaca caagcgaaat ggtcaacggc cgtaagcca agactgccct 1560  
ctctaaagag tccagcccca tccctcccc cagaacctcag gagacacctt cggcccagat 1620  
cccagccag agtgccgcca cttaccagc ggaggcccac aataagaaag cctcaagcag 1680  
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggcccac atgggtttct acaaagatgc 1740  
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa agagggtttc tgaagaaagc 1800  
aaagactgct gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc 1860  
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa 1860  
tgatggcaat gactacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca 1920  
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgaggtg tctgccagca cccagagcac 1980  
gccagcatcc agccgcgcgc agacctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc 2040  
cagtcccggc aagcgggaaa aggacaaaga gaaagacaaa gagaagcggg tcagcctttt 2100  
tggcaaaaag aaatgaactc ctttccttca cctcctgccc ttctcttacc ttttcagtga 2160  
aattccagca tgcaagctca gaaccaacac attactctct gtgcctaata ttcctcaatg 2220  
tggttgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg ggggggggtg gggaaacaca 2280  
cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttgaggtgc agagggaagg ccagattttt 2340  
tttttaatga aattatatag attagatctc agtatttaaa ctgttcctca attttgtgag 2400  
gctgtgttg aaataaccgc cctctagtgc tgttggtatg caaggcagcg gtgcttaatc 2460  
aatatttct gtgtcacca gaggcaaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc 2520  
atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccga tggggctaac 2580  
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa 2640  
ctctacagac caaacattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggctttt 2700  
ctgcatcaac tgctatgacg gttaagaatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat 2760  
actgttttaa ataactgtga atttcaattt tttttttttt gctgaaatac attatattgt 2820  
acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccctttaa 2880  
atcattggta agtgtacaag tgggtggaact gaagcattta ctggacaaag taatgttact 2940  
ctaattggta cttgctcgtg cgttgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct 3000  
atttgatata tagtgtgcat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc 3060  
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg 3120  
gaggtggtcg ctgagcctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgccct 3180  
atctgttaaa tatatgctat gtcattaaat gcttttaaat ctaaaaaaa aaaaagtgtg 3240  
tgttcttct ctgctgcgtg tgcattgccc gtagggaaac tgcaaagggg agaaatgaca 3300  
aacaagaaac attttacaac cagtctgggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt 3360  
gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga 3420  
gagaaaaaaa agaaaaaaga ggaaaaaaaa agaaagaaaa aagaagagga ggagagaac 3479

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gctcctccct	tccttctttt	tacatttttag	tcttagcatt	tactttcccc	acccacatt	60
cttggaaacag	ccttttagttc	tacaggaaat	ggcactgatg	gacagaagac	tagcattacc	120
ttcataaag	ggctgttaga	gctgcctggg	aagaaggcgt	gccttgggga	actgggaaga	180
tgccgtcagt	gtgggtgggc	aggaggacag	ccagtcgtcc	tgctgccagc	ccaatagctt	240
ccagcggcag	gtgcccagggt	gctaccggag	cccctcatag	gggtaggggc	agggactgca	300
cctcctccag	gcactcatcg	taagcctcct	ggtactcctc	atggggcttg	accattatca	360
cacaggtggg	gcgcttggga	cctgcggctg	caccaggtc	cgttcagagg	ggaaagaagt	420
gctgtttgga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgaccacc	480
agcctaattct	ggcccacaac	catgtttctgt	tcggtccatg	ttctatttaa	aagcatcttg	540
aattggttgc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catggtccag	ccacacaggg	600
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gctccagccc	agcaggggct	gtcccgggtc	660
ctgccacccc	cacttctctgt	gcctcagatc	tgccccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720
acaggtccct	ctgagcctaa	acccacctaa	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagctt	780
acaaagctct	ttcacataca	tctatctctt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840
ttggttctta	ccatcaggcc	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900
ccaagaagtg	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
gactttaaaa aaattttttac agttatTTTT attttgtaga atgagctgaa agccagtggt 60
ggcgaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgcccccagg tcttgagggtc 120
tgcattacccc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaatt agaattagcct ggcagtcctgt 180
tccacccctg ccgaagatga ctcccgtgac tcccagggtta agagttaggt tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtctttctga aagttctct 300
cccaaagcaa tgaagaagtt tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttgcc aaccagcagg tgtttcacat cagctgcttc 420
cgttgctcct attgcaacaa caaactcagt ctaggaacat atgcatcttt acatggaaga 480
atctattgta agcctcactt caatcaactc tttaaattcta agggcaacta tgatgaaggc 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagattttg 600
gagagaccag cccagcttgc aaatgcaagg gagaccctc acagcccagg ggtagaagat 660
gcccctattg ctaagggggg tgtcctggct gcaagtatgg aagccaaggc ctctctcag 720
caggagaagg aagacaagcc agctgaaacc aagaagctga ggatgcctg gccaccccc 780
actgaacttg gaagttcagg aagtgccttg gaggaaggga tcaaatgtc aaagcccaa 840
tggcctcctg aagacgaaat cagcaagccc gaagttcctg aggatgtcga tctagatctg 900
aagatgctaa gacgatcttc ttactgaag gaaagaagcc gccattcac tgtagcagct 960
tcatttcaaa gcacctctgt taagagcccc aaaactgtgt cccacctat caggaaaggc1020
tggagcatgt cagagcagag tgaagagtct gtgggtgga gagttgcaga aaggaaaca1080
gtggaaaatg ccaaggcttc taagaagaat gggaatgtgg gaaaaacaac ctggcaaac1140
aaagaatcta aaggagagac agggaagaga agtaagggaag gtcatagttt ggagatggag1200
aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag ctctctcaaa1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggctga gttttgtaga caacaccttt1320
gctgaagaat tctactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaaactctg ggaggggaga1380
gtgggtcaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcggtatta tgatgaggat1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgttagcg1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaa1560
tttacttgga agtaactttg gaaaagaatt cttctttaa atcaaaaaca aaacaaaaaa1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc atttttagcag1680
tgatgatatg cataagtgt gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata1800
ttgttacaca ctattttgga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaaccatt1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtag atttttaaat gaataccaat1920
ttaatttttt agtatttacc tgtaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tcttgctctc taaactacat2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac2100
caacctacac tcttcggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgatatct2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaagtatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct2220
cataattact gaaagctgca atatttttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt2280
ccgtgttaga gcaaagtgaag gagtttaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac2340
```

```

ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccctttt gagacactaa2400
tttttaataa cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcagggtga2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac2520
attataaact tgagtacatt tgtgttacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggccttttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt2700
tattcaataa agattttta taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg2760
aaaaaaaaa gggcgccgc cgc

```

2783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctctttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaagta ggttcacga gtcggctcac 180
acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcacccccag tcgcagacgc caaagcccag 240
gatagaggtg tcgagggaga actgggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggagggc 300
ttggatagaa atgaggaggg cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgate 420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgtgt 480
caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact 540
gtcttggggc cagacactgc ggacctgcca cagcagaggc agctgttgcc ccgccgatg 600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
gctgcctgaa gaggccttctg tccagcccca ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
accacatctc cctggcctcc tgcctggcac tgaccacccc cagtgaagag ttgccggacc 780
gggcaggcat cctggtggaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaaa 840
gtgtcccttt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcact tcagggcttg 900
aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc ccgccactgc 960
cagaaagtac tgtgcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttggggg 1020
ctgaggatgg atggaccatg gatgcggaag cagatcattc aggaggttct gacaggaaca 1080
gcatggattc cgtggatagc tgttgcatgc tcaagaagac tgagagcttc caaaatgccc 1140

```

```
aggcaggctc caaccctaag aaggctcgacc tcatcatctg ggagatcgag gtgccaaagc1200
acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggcgctatgt gagttttctg aagcaaacat1260
ctgggtgcca gatctacatt tcaacctctg cttacaccca gagcgtccag atctgccacal320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt gattgggaag aagttcaaag1380
agctgaacct caccaatata tacgtccccc cattgccttc actggcactg ccttctctgc1440
cgatgacatc ctggctcatg ctgcctgatg gcatcacctg ggaggtcatt gtggtcaacc1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttcgtgcagc agcacacaca ccctaccttc cagcgcgtgc1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaatcccc acctgcccc1620
ccccagtga aataacggtc atctgtgccg cccctggtgc ggacggggcc tgggtggcag1680
cccaagtgg tgcctcctac gaggagacca acgaagtga gattcgatac gtggactacg1740
gcgatataa gaggggtgaaa gtagacgtgc tccggcaaat caggctctgac tttgtcacc1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccctctgg acagtgtgat gcccctgtca gacgatgacc1860
agttttcacc ggaagcagat gccgccatga gcgagatgac ggggaatata gcaactgtt1920
ctcaggtgac aagttacagt ccaactggctc ttcctctgat tcagctgtgg agtgtggtt1980
gagatgaagt ggtgttgata aaccggctccc tgggtggagcg aggccttgcc cagtgggtag2040
acagctacta cacaagcctt tgacccccat gctgcttccct gagagtcctt ttttgactg2100
ttgaaattgg gcttggcact caagtc aaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtcctc2160
tccagaaagt cctttctttc tccatactgt agtccatttg agaagacatt tcgtctctga2220
gaaaaaagga tggaaactatg ggttctcttc gcaaagccaa aggatagtgt ttaacaagcc2280
agctgyctta tccctggttct cagctgtttc aaccagattg tccattccc cctgttccat2340
tcccctcttc ttccttctat ctccctcccc ggcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc2400
cagggatgta tgttgcttgc ttgagagggt ttcttttact tcaaaatctt tcttcaggga2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctactgttac agcttacata aatgagttga2520
tgatatttaa ccagttttta taaacttcat ttaggtctct aaacacagac tttttaaat2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcacacat ctgacctggg tcagtgggga ggggaactgg2640
tatectgcca agcctggttg taatttgtaa ccattttcta tttgtgcaa ctctgtaaat2700
atgtgtttta acaaatgtaa tattttgtac aagatacact ggagaacaaa ggggaactcaa2760
gattcttcca gccacatgtc acctgtaggt agaagtaaac tctgcagtgc agcttctgct2820
cttggccccc ctggccaggg cccctgtggc ttctctgaca ctggacagg gactgtatgg2880
tagagactgt gatctgggaa ctttttgctg tacaaatctg tttaaaaaaa agagttgatg2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt aggtctctaa acacagactt tttaaaattg3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacatc tgacctgggt cagtggggag ggaactgggt3060
atcctgcca gctgtgttgt aatttgtaac cattttctat ttgtgcaaac tctgtaata3120
tgtgtttaaa caaatgtaat attttgtaca agatacactg gagaacaaag ggaactcaag3180
attcttccag ccacatgtca cctgtaggta gaagtaaact ctgcagtga gcttctgctc3240
ttggccccc tggccagggc cctgtggct tctgcacac tggacagggt actgtatgggt3300
agagactgtg atctgggaac tttttgctgt acaaaaagta actcattgaa ttaacttgca3360
gtggtgtgtt tgattctttt ttagactggc ttcagcattg tgcagtttaa a 3411
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcattgtta acattgcaga tgggtggtttt 120
actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcacgcacg gcattgactac tggctgctag ccggcattat aaaccatggc 240
tatgcccggt ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccatcctcaa tgagcctttc 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caattttctta gagatcaaga ataaattttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaagc tctggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgettacttg 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgctt tgetgaggtg 480
gagtgtttgg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tcctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctgcactccc agctaccatt gcccgaaatc cccagttgc tgtgaggtta 660
cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaacc gggcaccgca acctacccca 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
gaccttctct actttctctt gtcccagctt ctcccctggg ggctgagag accctcacct 840
tccttctgcc catcttccat gttgtaaagg aacagcccca gtgcactggg ggaggggagg 900
gagtgagggg cagtgggtgcc ctctctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
tctgcaggag ctggcgggct ggccctcttg accctggctt ctccccactg taacgcctgt1020
tacacacaaa ctgttgtggg ttctctgccag gcttgaagaa aatgatctga attttttctt1080
ccttttggtt ttattttggt ggtttatatt gtgttttctt ttctcctttt tgggggggtat1140
tcagagttgg ctgggcccct gggcgagaca cagctacctc tgttggcatc tttttaatac1200
caggaaccca gcggctctag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa1260
aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaataa1320
aagtttctct gtatttttaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggagg1380
gggggagagg agt 1393

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1236 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
gtgggccacc cctaactact attgcttcct aaaggtatatt tcacctctt cgcttggtac 60
agccctcaca gctcttcaga gcaagcactg gactacaagg gcatggctca caaaagggtta 120
atggatgggg gttacctagc cctggctaatt tccccctcca tcccaactc tctctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctgcccctccc catccccgc tgtaaatata 240
cactattttt gatagcacac atggggcccc catatctctt ggccttggtt ttgatgttga 300
aatcctggcc ttgggagaga tgccttcacg gcagacacag ctgtctggtt caggccaagc 360
ccctttgcaa tgcaagccct ttctggtgtt atgaagtccc tctatgtcgt cgttttcacc 420
agcaactggt gactgtccct tgcacacgga cctgctttga gatttcctga cagggaaaag 480
atttctgtcc atttttttcc tgtgcctaac agcataattg ccttttccta tgtaaatatt 540
atgatggtgg atcaagacat aagtaaatga gcctttctgc ctcacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgatg cactgtttgc cccagtaact cactttaaaa cctctctttc 660
cagtgttccc tctctccctc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgtgcccctc ctgccccgaa agtgtgact atggggaaat cttttagctg 780
ctgttttttag actccaagga gtggaaatta tgtggaagaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaggtaaa cagtttgaaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttcccca 900
gagctgttag gtatcaaaat gttgtccttt cccccctccg tgcttttctg gttgagatca 960
tgtcattgat gaactgccaa agtcagggga ggagggcaga gactttgtgt ttacatctgc 1020
atttctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaatagaca gtggattttt ttttaaataa aaaagtttac 1140
agatcaaatg tgaaataaat atgaatggag tggtcctctt gtctgttatc tgagttttca 1200
aaagctttta gactctggga acatctgatt ttatgg 1236
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt ggcaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
agcattacgt gagccaggtg atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagagge 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaatacaggc tgaggtgtct taagcctttt gtcacaaaaa cctggcacaa tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaaagttt gcccggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaagggtc actagatgg 749

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgcag gcagtgggag tggggtaagg cttcctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggcc ctcatagtc cttggctctt atcttggag 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc ccctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaattc ttcctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
gatgccaaacc tggaagcagc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcccttct tcatectcac cagtgtcctg ggtatcctag ctagcagcac tgtcctcttc 420
atgcttttca gacctctctt ccgctggcag ctctgccctg gctggcctgt cctggcacag 480
ctggctgtgg gcagtgcctt cttcagcatt gtgggtgccg tcttggcccc agggctaggt 540
agcactcgca gctctgcctt gtgtagcctg ggctactgtg tctggtatgg ctcagccttt 600
gcccaggctt tgctgctagg gtgccatgcc tccctgggac acagactggg tgcaggccag 660

```



```

gtcccaggcc tcaccctggg gctcactgtg ggaatttggg gagtggtgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccttgccag tgggtgcttct ggtggactct gcaccctgat atacagcacg 780
gagctgaagg ctttgccagg cacacacact gtagcctgtc ttgccatctt tgtcttgttg 840
ccattgggtt tgtttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tggatgaata tcctgtgggc ctggtttatt ttctggtggc ctcatggggt ggttctagga 960
ctggatttcc tggtagggtc caagctgttg ctggtgtcaa catgtctggc ccagcaggct 1020
ctggacctgc tgctgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcactgtgt ggctacgccc 1080
ctgctcctcg ccctattctg ccaccaggcc acccgccccc tcttgccctc tctgccccct 1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc cttggaagca aatcctagtt ctcttcccac 1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtgaaaa aaaaaaaaaa a 1251

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggcctcag caccttccag aactggttac ctagtaccce cgccacctcc tgggggtggac 60
tcaccagttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc ccccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgcccccg atgtgctcag ttagggccc gagcctgcct 180
gggaagccgc agccactacc aagggccttg cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg caggaggagc acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgcttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggctggg ggacatcttc cccccatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct ccagccccg gccaaagggt ctgtcggcgg 420
aacaggggag ctacttcgtt cgttttaggtg acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccagggac actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggcccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcaggt gccagtgcgg aggacgctgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccgggggttct gtccagggtc tgccggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tgggtctccag cctccagggc ctgcccgccg agctccagca gccagtgggg cgggcgcggc 780
acagcctctg tgagctctat ggcacgtgtg cctcagctgg ctctgtagag gagctgcccg 840
cagagcggct ggtgcagagc cgcgagggtg tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccgcg tcagctggct ggtaggggcc ttcgccttgc 960

```

```

ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggccccgc gcgggggtcgc cctgctctgt1020
ccagggagga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaal080
gccctagacc tttggggctg cagctggctg agcgccgagg ggctgaggag gcagtgacct1140
tcttaactga gccaccccac gccctgctcc gggcctgcct gcatctccca cctcctcccc1200
agcgtgcct gccctctcgc gaggctgggg tcaactcagac caccagccaa gagccttccc1260
ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg ccagcctgg1320
aagggcatct gtttgccccg ctagcaaccc ttttatatct agcagggctc ttcagtcct1380
gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtg aggcagtgt gtggcatccc aggctccggg1440
cagctccgtt ctcatgctga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgaggggtct1500
taagaaccac attccctcat agtagaaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcatcatc1560
ccaaggcagg ctgctactgc ctttgtctgac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaa1620
ctgccaggag ccacagcagc cacagctggg gctttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
agtgtgcagg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
cccaccacag gcctgcccca ggcacctggg gctctgaggc cctggggag gtctggggcc1800
gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatgga1860
gggatcagac agggctggga acagccacag aggtctgctg cctatggcac agccttccct1920
ccgccgcaca ctccccctgg gtccctcaggc ccacccaagc gccgggctgc agaggaagcg1980
gggctgggga ggctgcaggc atcagagaca ctgggtgggtg cggaccgggc cggcggggcc2040
cgtgctctca ggctagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggctcggg tgtgagacgt2100
gccgtggctg cgtcagtcac agcggggagg agcgttcag cccggcctcc ccaggaagcc2160
atatccccac tcacccggtg agagaacctt gtcgtccctt tccatgctc tccatggaca2220
cgagcccagg aaccccagac ccagggggag gaaggggtgga ggggccccag ggtcaccat2280
gtgcaccagg ggccgtgagg ggccggggca ttcagctcag ctctgaaccg gggagctgg2340
cacggcaagg actgcctcag gtgacgggac gtgagagggg acgggtcagg agccttccca2400
agccttctcc tcagcccagc acccatggcc atcggaggct aggatgccag acacagccat2460
ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca2520
gctcaggaag tcccttcccg ccacaccaca gcttaattct tactgggagc gaggcaactc2580
ggctacgctg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
acgggggtgac ttgcttgagg ccgtgcccac gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaaga2700
gaagccccga gtgggagggg aacctgtcca aagtcacacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
gggtgagtcg aggtggccc ctgaggccca tgctccctga acgtggaga ccactgtcgg2820
ctagcagcgc ctctcaggga aggcctgggtc tccacctcc cagcctagcc tcgaggacc2880
tcgtctctcc cacatcggac ctgctcacct gctgggacc ggggctgcca gatgcagga2940
gcatcaaac cccagcctc gtgggtgcgg ggcagggcgc aggcagcaca gcttagatgc3000
cctggtttgt cctcttgtc tcctgggaag agcttgctcc cgcccagctc tctgccaact3060
ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
tggtcaaac cagtcacaaa cgggcccagt gacactgcgc actgcacccc agctcaggcc3180
cccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gccataaaaa gtgatttctt ttttcattaa3240
aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccc ggc

```

3283

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```
agaaaatagt ttcaagcaga ccatagccaa gatcaacttc aaagtttttag attcagaaat 60
ggtggetggt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgaggggcttt 120
acccttccac ccgaaggaca tcatgggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcaggga gatgaatcac agaaaatgag 240
aggggactat ggcaagttaa aggccctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa 300
tcagttgcca gattcataat attttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaag aaacttggtc tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaagggtga ttactcctga agtgagtttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggctcctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaaccca gattttattt atatctttat tcaccttttc ttcaaaatcg atatgggtgc 600
tgcaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgaggg ccatatccct gtgggtattcc 660
tttcttgctt tggggcttta gaattctaatt tgtcagtgat tttgtatatg aaaacaagtt 720
ccaaatccac agctttttacg tagtaaaagt cataaatgca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcattttaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgat gagtttttat ggttccaatg aaatatgttg gggttttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggtat ctgtcactga cctttgtttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatattttggt gggagttata tcagtgaagc agttttggttt 1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact ttttttgtaa gttatttaatt 1080
ttatttttaga ctcaaagaat ataactctgc actactcagt tattactggt tgttctcttal 1140
ttccctagtc tgtgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttgaa gtatttagact 1200
tctaaataag gggtgaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taattttttal 1260
agaggaattt ataacaaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgattct 1320
tcctttttatt aaaaccagtc tcagatatca tactgatttt taagtcaaca ctatatattt 1380
tatgatcttt tcagtgtgat ggcaagggtg tttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaatal 1440
tgaggagaca ttctgtcttt caaaaggtaa tgggtacatac gttcactggt ctctaagtgt 1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttagaataat 1560
tttatttagaa taatttcata ctgaaattat tttctccaaa taaaaattag atggaaaaat 1620
gtgaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactactttt gcttttttat 1680
ttacctttta agacattttc atgtttccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa 1740
tccaaatatc atataaacat tttattttata gttaataatc tatgatgaag gtaattaaag 1800
tagattatgg cctttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtcaa 1860
aattaatatg attattaatc agaatatcag aatatgattc actatttaaa ctatgataaa 1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agcaaaaaata gttaaaatgc tgacataaca 1980
ccaaacttca ttttttaaaa aatctgttgt tccaaatgtg tataatttta aagtaatttc 2040
taaagcagtt tattataatg gtttgcttgc ttaaaaggta taattaaact tcttttctct 2100
tctacattga cacacagaaa tgtgtcaatg taaagccaaa accatcttct gtgtttatgg 2160
ccaatctatt ctcaaagtta aaagtaaaat tgtttcagag tcacagttcc ctttatttca 2220
cataagccca aactgataga cagtaacggt gtttagtttt atactatatt tgtgctat 2280
aattctttct attttcacaa ttattaaatt gtgtacactt tcattacttt taaaaatgta 2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgctgaa tgtaaaagag aatttttttt caaaaatgct 2400
gttaatgtat actactggtg gttgattggt tttattttat gtagcttgac aattcagtga 2460
cttaatatct attccatttg tattgtacat aaaattttct agaaatacac ttttttccaa 2520
agtgtaaagt tgtgaataga ttttagcatg atgaaactgt cataatgggt aatgttcaat 2580
ctgtgtaaga aaacaaacta aatgtagttg tcacactaaa atttaattgg atattgatga 2640
aatcattggc ctggcaaaat aaaacatggt gaattcccca aaaaaagaaa gggaggacgg 2700
```

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

gccggccgcc ctttttaacc cccttccctt cctttttttc tgttgctgaa tgatatttta 60
ttagcttgat aatttgggcc tgcccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
tttcattcac tgggtggggaa actttcttgt tttaaaaaat gcaattcaag aaagggcatc 180
tatttcttgg gggctgcggg gacagcaggg ttctcttcac ggggtgatggg aatgggtgcgc 240
tcagggccag agacctgttt ccttggtcca ttcacagtga ggaccccatc agatgacagg 300
gatgaagtaa tgggtgagagg gtctacatca gctgggatcc ggtatttcct gtggaactcc 360
ctggagatga aaccatgttc atcctggcgc tcttcattgt ttccatgcac ctcaatcaca 420
tctcccaaca ccttaacttt gagttcctct ggggagaagt gcttcacatc cagggtgaca 480
gagaacctgt ccttctccag gcgcattctt gagagtccag tgtcaaacca gctgggtgcc 540
cgcaggaagg aggggtggccg aaggtagaag ggactcaggg aagtagacgt cgggaaaaga 600
tcagactcca acaggtgctc tccgaagaac tggtaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
ggaaagaagg ggcggcggat ccaggggtgg tggatggcga tgtccatggt ggctaggtga 720
gtgtgagggg tcagctggcc tggtcagctc cttcagctgc agctacagcc agccccttat 780
atatgcagtc ttgtgaagct tctggaatgg tgatgtcagg ggttttatta tcctagctca 840
ccagcagttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata cccagtactc 900
actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtgact tgtcatggtc 960
ttgtttcact agctttctgt ccacacccaa tggcaccac cccacccct gttctctgaa 1020
gctggtacag agtcag

```

1036

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
accacg gggg ctgccctccc ctgcgcactc ccctcgtctgc ccgggcccgg agcgcagtgg 60
ggccgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttcttaac tatgctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcactgac ggatatgagt 180
gggatcctgt gagacagcaa tgcaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgctt 240
gtaaaggttg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
cccagattat tgtcaataat gaacagcctc agcaggaaac acaaccagca gaaggaaacct 360
caggggcaac caccgggggt gttagctgcca gcagcatggc aaccagtggg gtgttgcccg 420
gggggtggtt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc tgaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggcgg aaccagctg accctcagcg cattccctcc aacccttccc 540
accgtatcca gtgtgcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatag 600
acgagtgcac tgcagggacg cacaactgta gagcagacca agtgtgcac aatttacggg 660
gatcctttgc atgtcagtgc ctccttggt atcagaagcg aggggagcag tgcgtagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtgaataca ccaggctcat 780
tttattgcca gtgcagtcct gggtttcaat tggcagcaaa caactatacc tgcgtagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctcagcagtg ctacaacatt cttgggtcat 900
tcctctgtca gtgcaatcaa ggatatgagc taagcagtga caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatca atgtgtcaat gaacctggga1020
aattctcatg tatgtgcccc cagggatacc aagtgggtgag aagtagaaca tgtcaagata1080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttg aattatcatg1140
gcggcttccg ttgttatcca cgaaatcctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagaga1200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgcca tgtgcccaga actgccccag tcaatagtct1260
acaaatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatcttc cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaac accatcaata cttttcggat taaatctgga aatgaaaatg1380
gagagttcta cctacgacaa acaagtcctg taagtgcaat gcttgtgctc gtgaagtcatt1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tggagatgct gacagtcagc agtataggga1500
ccttcgcgac aagctctgtg ttaagattga caataatagt ggggccattt tcatttttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggcatttaa gtcagccaaa gaatatgtt accttaagc1620
actattttat ttatagatat atctagtga tctacatctc tatactgtac actcaacctat1680
aattcaaaca attacacat ggtataaagt gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagttt1740
gtctttatta ctatatgtaa attagacatt aatccactaa actggtcttc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctggt gaaacttgga ttctttccta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttc tgtggtgctt aaggaaactt actagagctc cactaacagt ctcataaggag1920
ggcagccatc ataaccattg aatagcatgc aagggttaaga atgagttttt aactgctttg1980
taagaaaatg gaaaagggtc ataaagatat atttctttag aaaatgggga tctgccatat2040
ttgtgttggt ttttattttc atatccagcc taaagggtggt tgtttattat atagtaataa2100
```

```

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt agggatattt taattttgtc agaaatttta2160
gattgtgaat attttgtaaa aaacagtaag caaaattttc cagaattccc aaaatgaacc2220
agatatcccc tagaaaaatta tactattgag aaatctatgg ggaggatatg agaaaaataaa2280
ttccttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcggaataa ataataacat2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggta tttcactgga2400
gaagttttta tttctaagta aaattttaaat cctaacactt cactaattta taactaaaat2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatggttt ttattcctgg2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaaat taccctccta cccaattcta tggaatatatt2580
tatacgtctc cttgtttaaa atgtcactgc tttactttga tgtatcatat ttttaataaa2640
aaataaatat tccttttaga

```

2659

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttgtt aaagcccatt tcataagagt 120
gagttggctc tgtgagacca tcaactgataa agacacatac agttagcacc acacatttat 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gtttttcggg gccagagttc ccagtgcctat gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
gcaccctggg tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaaggg gatgccaaca 420
acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaatc 480
acaacattgg tctactattt tataggcacg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagtt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
gatatccatc actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tattttatac tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agtttataaa 780
tagttgttca ctactcttg attagttgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatgggtac 840
tccatctggc tcattgcacg cgatgggtta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgtcta aaatctgtag aagctcacac 960
aatgcaaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc1020

```

```

actggaagta caactgaagc atgaccaagc taagcctaaa actgaagagt aactgtcaga1080
tattgaatga ttttaaattg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataatcttga gacaaaaaag aagggggaga1260
gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc1320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggg agggactggt taaaacctct1380
gtgttttatca gaccttttct tcgtccctct ccaagttaca tgttcctggg tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggaatcatt ctaaaacatc attcatactg ctgtgtagat1500
gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagtaaagtt1560
tgagaaggcc tcagtcggaa agatccagaa ttccaattaa aataggaggt tctaaccaat1620
tataggctat ggcccaatac gccacatgaa ggagccttat tttactctgc gctcaaaca1680
ttattttctt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttggccac tataccccat aaattgaatt agccactttt tagtgcttga1800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtg gggctgggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatggt ttgtaaaagt tacttctctc acttcattct1920
tcacagaatt cacatgccgt tctttgttct gtagattcgc ccagtttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcttttctt tcttgcaaat2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca cttttttctg agtctctctt gcttttactc2100
tgatcttctg aatggcgaag ccgggactgc tccaccagtc tgaccagcta aagtatgaat2160
cactcttcca tttgagcttc aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt caggcagagt gaatgggatg tggtactct2280
cggccacggg gccatacaga gaaatctcaa aggcctgatt ggtatgggtt tcactctcag2340
tcccagaaaa atgaatcttt acttggtaat ggaagacttt gtagggcatc tgagaacgag2400
tcttcaggta catTTtgctg cttcttttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tgttgcagcg gttcttttcta caactcaagc agagcccttt ctcaaaggct tccttggaac2520
tgcacctgta ggcttactt ggattttctt cattcaacag agagtcgatg aagagatgaa2580
tggagcgctc gtgggagcac ttactagct ggtccacatc tccaagtctt ctctctgcaa2640
tcacgcggat agcttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttcgggtaaa2700
tgtcaacatg cccaactggg ttctggattc caatgcttcg accaggggac cctctggtga2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgcat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gttaggtcca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattg2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggac 2939

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcacgcgccat	gacgcgcgcc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacgggtgt	60
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180
tccccaagaa	gaagaagccc	ctgaagttag	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcca	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttctt	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgctgacg	gccatccaca	360
agtggggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgagt	420
gccccacctt	tcagtcctgt	tttaagtgat	tctcccgggg	gcaggggtggg	gagggagcct	480
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccggaacc	cgggtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagtagtgga	cattgtaatc	cagtcggctt	gttcttgacg	cattcccgct	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccatttagat	taggaagggt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccatttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggattgg	780
gcggaaagtg	agagccagca	gcaaaaacta	cattttgcaa	cttggttggtg	tggatctatt	840
ggctgatcta	tgcccttcaa	ctagaaaatt	ctaattgattg	gcaagtcacg	ttgttttcag	900
gtccagagta	gtttctttct	gtctgcttta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttacaa	960
ttaaggtcaa	gcccagaaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcgaagtc	cattatgtaal	1020
tagtgacagc	aaagggacca	ggggagagge	attgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
tgattgtctt	tgaatctgaa	tcagccagtc	tcagatgccc	caaagtttctg	gttcctatgall	1140
gcccggggca	tgatctgac	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcccttgtg	1200
tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	attttcgggc	tgagaaggca	1260
gtagttttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatttta	gaacagtcca	1320
gcaaattgct	agtcagggtg	aattgtgaaa	ttgggtgaag	agcttaggat	tctaattctca	1380
tgttttttcc	ttttcacatt	tttaaaaaga	caatgacaaa	caccactta	tttttcaagg	1440
ttttaaaaaca	gtctacattg	agcatttgaa	aggtgtgcta	gaacaaggtc	tctgatccg	1500
tccgaggctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaaagg	aggcgattt	1560
ccctggtagt	gtagctgtgt	ggctttcctt	cctgaaggat	ccgtggttgc	cttagaacct	1620
aacacccctt	agcaaaaactc	acagagcttt	ccgttttttt	ctttcctgta	aagaaacatt	1680
tcctttgaac	ttgattgcct	atggatcaaa	gaaattcaga	acagcctgcc	tgtcccccg	1740
cactttttac	atataattgt	ttcatttctg	cagatggaaa	gttgacatgg	gtggggtgtc	1800
cccatccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtacctgt	1860
agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgtat	ataagccagt	tcacttagac	1920
aacttttacc	ttcttgacca	atgtacagga	agtagttcta	aaaaaaatgc	atattaattt	1980
cttcccccaa	agccggatct	tttaattctt	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
ctctggggcca	atgcttatac	ccagtgagga	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccct	2100
gcggccctag	cctgaccggg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
gtatgaaaat	cagcatgccc	gcctagttag	ctaccggaga	gttatcctga	taaattaacc	2220
tctcacagtt	agtgatcctg	tccttttaac	accttttttg	tggggttctc	tctgaccttt	2280
catcgtaaa	tgctggggac	cttaagtgat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
tgtatatata	ttagctaatt	agaaatattc	tacttctctg	ttgtcaaact	gaaattcaga	2400
gcaagttcct	gagtgcgtgg	atctgggtct	tagttctggg	tgattcactc	aagagttcag	2460
tgctcatacg	tatctgctca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caaccggggc	ctctctctgc	2520
ggcagagtcc	ttagtggagg	ggtttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
gagcagggtga	ctgtgctgtg	cagctctcta	aatgggaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
ttcagaaaaga	gtcaaaaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaccgt	2700
ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	ttttagacct	2760
atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaaggagg	ctctctgtag	2820
gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccaa	2880
tgtgcagact	gattggcctg	gtcattggtc	tccgagagag	gaggtttgcc	tgtgatttcc	2940
taattatcgc	tagggccaag	gtgggatttg	taaagcttta	caataatcat	tctggataga	3000
gtcctggggag	gtccttggca	gaactcagtt	aaatctttga	agaatatttg	tagttatctt	3060
agaagatagc	atggggaggtg	aggattccaa	aaacatttta	tttttaaaat	atcctgtgta	3120
acacttggtc	cttggtacct	gtggggttagc	atcaagttct	ccccagggtg	gaattcaatc	3180



```

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaacctaaaa3240
tctgtttttc tcatcagact ctgagtaact gggttgctgtg tcataacttc atagatgcag3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataacatact3360
ggccgttctg acctgttgcc agcagataca caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct3420
agttttcttc tgtagtactc ctcttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac3480
tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgttgtttt ttttaactgca ttttaccaga3540
tgttttgatg ttatcgctta tgtaaatagt aattcccgtg cgtgttcatt ttattttcat3600
gctttttcag ccatgtatca atattcactt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa3660
aaaaaaaaaa                                     3670

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctttaaccag ttatttacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaattc ttgcatgttt gtatctaatt 120
tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt acctttttcc ttaaccgga 180
ttgtgaaagc tcatgtatt ttaatttaga ttctgtgttt ttaagggttc tgagcatgaa 240
gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcatcatggc tggctgattt ctccatagat 300
tgataacagt attttgttat cttgcttctc tgtagtgttg catcagctgt ttaactttga 360
gctgagttag gggagagggg taaagagaaa gaaacttaag ttttctttca cagaactcca 420
ccattgtggg ctttgagaga gccctaaagc attgtaccta gtggtaccta gtgacttcca 480
accaaagcct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaa ggagagaagg tttttagggt 540
agaaaccttt aaccgataga aggatatggt atgttgtaaa gctggaacca agtttgcatt 600
tttgagggct tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagttttcct 660
cagttttctc gtcttaacac tagtggacaa ttctagcatt ttggttgagg gatttcagag 720
ttaacctcat ggaattcagg atttttttagc aagtttgctt ttggttttat cttggctttt 780
agtaatcatg ttggctggtc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccc tgggtcttgct 840
ttcatcactc taggatcatg aagtgtctat ctatttctctg gttatgaata ttaagggttg 900
aattacattt ttattgattg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
aagaccatgc aagaggcaaa ataaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
aaaaa                                           1025

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggccttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agaggtccaa cgcagtccag ctgacaagga tggaatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtg cagtgcgtac ctctgtggtg 240
accagcagc tgcgtgcgga gccagcccc aaggccccc gggcccggcc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggctt acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggt gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtac ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggctcctc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
gccacggggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt tcagaaagga gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga ggggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
attttgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gaggcctgcg cccacaccct ctctgtcca gccctcgccc gcctgggcag ggcccggcgc 60
cgtccgtgga tgagccacag aacctcttcc accttccgag cggagagaag tttccattcc 120
tcttctctt cctcctccgc tgccacctcc tctcggcct cccgtgctct cccggcccag 180
gacccgcccc tggagaaggc cctgagcatg ttttccgatg actttggcag cttcatgagg 240
ccccactcgg agccccctggc cttcccagcc cgccccgggtg gggcaggcaa catcaagacc 300
ctaggagacg cctatgagtt tgcggtggac gtgagagact tctcacctga agacatcatt 360
```

```

gtcaccacct ccaacaacca catcgaggtg cgggctgaga agctggcggc tgacggcacc 420
gtcatgaaca ccttcgctca caagtgccag ctgccggagg acgtggaccc gacgtcgggtg 480
acctcggctc tgcgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgta cccgcataca 540
gaacacgtcc agcagacctt cgggacggag atcaaaatct gagtgccctc ccttccctt 600
tccctgtgcc ccccgcccca cgcccgccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagcccagg ttctagcccc cagcaccccc agaccccagg tggaccatcc 720
tcccaaaacta gggccctcca ctctatccag ggcaggccag ggactccctg gcctgacaca 780
tgatgcccag atttcagatt tggcctccgt cacttaatcc agagtacagg ggctggggtc 840
aggggaaggaa gatctaaaga acccactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacatat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
gcaaggggac cagggacctg gaaccctctt ggccaagggg agtgggagag acagagggaa1020
ggtcacaggc aaggggtgctt atctaagtgg aactaattgc ccgagggtc agcaaggcca1080
agaggagaca gccgtgacgg taaacttccc ctctaccagc ctccaagccc cagccagcg1140
agcaggctgc ctgcccaccc cgtgccccca gccagctggc tgtgccaggg cagagccatg1200
ccacatctgt atatagatgg ggtttttcca atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaal260
actcctgcgc tctgcgcct gctggggcct ccaggcaagg ccacgtgggg ttgggggtgg1320
ggctggctct tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacagga1380
tcacctaaac gagatggaag ccagggcctg gatggggcct tgggtcctcg aggttggacc1440
ccagcttctt gccaccttcc cctccgggca gtcagctctc catccatccc cctctttaat1500
ctatgaatct ataggctcgg tgtgtgtaac acacacaccc ctatcgttgt cttcaaaata1560
ctcagcatta ccattgggtg aggccaaaatt cagagcttct tcaaatcaga tttaaatct1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgcttt gtcactgaag1680
gttagatctg aaccaggggt gtcaacagct gctctcaact cccacctct gggcactgag1740
gagtatttcc cctcattcta cctctctaag gctatgcacc cctccccacg tctccagct1800
gggggatggg gggagtcata ggaaaagccc ccacttccca tctgggatag ggaccttcca1860
tcagccttaa ccctgggaaa tgccctgctgc cccagtgac tcttggtttc gtctcccaca1920
tacagaagca ggggtggagg gaagggtggg tctcagttag caggggtccc cagggcaagt1980
cagcctctc cctccatgcc tctctggtca gtgtgcctta ggggtggctc tcaactcccac2040
cactctgggc ccttggggg aggaactggg agggggccgt gggagagccc tgacgctgga2100
acctgtatac acaataaagg acagtctcac agacaaaaag aggccgcctg ccggagtctt2160
caaacttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
gtgcggatgc cggccggcag cagcatcatg gctcacgggc cgggcgcgct gatgetcaag 60
tgcgtggtgg tcggcgacgg ggcgggtgggc aagacgtgcc tactcatgag ctatgccaac 120
gacgccttcc cggaggagta cgtgccacc gtcttcgacc actacgcagt cagcgtcacc 180
gtggggggca agcagtacct cctaggactc tatgacacgg ccggacagga agactatgac 240
cgtctgaggc ctttatctta cccaatgacc gatgtcttcc ttatatgett ctcggtggta 300
aatccagcct catttcaaaa tgtgaaagag gagtgggtac cggaacttaa ggaatacgca 360
ccaaatgtac cttttttatt aataggaact cagattgac tccgagatga ccccaaaact 420
ttagcaagac tgaatgatat gaaagaaaaa cctatatgtg tggaacaagg acagaaacta 480
gcaaaagaga taggagcatg ctgctatgtg gaatgttcag ctttaaccca gaagggattg 540
aagactgttt ttgatgaggc tatcatagcc attttaactc caaagaaaca cactgtaaaa 600
aaaagaatag gatcaagatg tataaactgt tgtttaatta cgtgagaaac atcttcagt 660
gccaaggaaa ctgtccattt ctctcagaaa gcaaatgaaa tgctacagct ataccagac 720
cttttatagg taatgaagca gttcaaaact tgaaagaaaa caaacctgt cctcagaatt 780
ctataaagtg tattaagaat gttccttaaa ggtttaagaa gcagtaagca gcctctgaag 840
ccacaatcta ttataaatac tttatttcaa ctagaaggta caatctctca ggggtttcat 900
agtttaaaaa gctacaatca catcatgttg taactacgta aaaaacagag ctgtaaatgg 960
aactgcttgg ctttgaccat acacatttct gccagccct tacagaatct gcacaaagaal1020
atatctccct ttgctccagt taattgttct tgtatgtaag ttgctttcta ttccagtatal1080
tccagagtgg tgaaataaca aggccagcca cgtagccaaa ggtcgctcca agcgtacagg1140
agatgggcca tacctgagga gagaatgtat gagatcaaaa agaacaat gttttattat1200
tacttgagca caagtgtaac ctaaatattt ctatattaaa gcttaatgtg ctttcttaaa1260
gaatgccaaa agtgtataaa ggtcataact gcatttatca tgaacactaa aaatgtacac1320
attttagtta atgtgcatta aactgttaaca aggcttctgg caattgtaga tttagtttgal1380
cgctcccaa agtgcattag acacatgcta aaattacaaa taaaattttt gggtcagact1440
ttgcccaat gatgactca atttagctct ctgaactagt tggtaatttt ttttttttaa1500
ttcccacttt ggctgtgtac atcaaatgaa atgagaagtg tgtatgctga ccaaaccacal1560
agaaactttc tttaagtgtt gttaaagagg aaagacctag aatccaagcg tgttacatgal1620
aaattgtaac agagcagctg cttccacctt tcagatatag atgttggaa cagagcagaal1680
gttatagagc gacaacttat atacacacct agaattgaag ttaacaaaaa taccggcttc1740
cagagacccc ttttctccag ccatattaca tcaggctaga agtaattaat gttgatttat1800
ttcatctaca agcagttggt ccctaagtga aaggctctgc ttgaaaaaaa aaagaaaaaa1860
aagttggagg aaaattttca tgttcttctg tgaagcttat ttggtacact ggagccattt1920
ctaacttttc tctgggggga acaggccaca gaactgtgtt agaggtgaac catcttaatt1980
actagttcta ttacctaat cagcttctt gtttggctct ctgtggatct gccttattgc2040
atatgccatg catcagataa tggatgcac agataatggt gttagacaaa gcttcattgt2100
gaacaaccta atgcatttta gagaaacaat ctcatcacat ttttctagc ctttcttaca2160
tttaaacttg ctgttgccca aattataatt ttttaaattg ctttgggtggg cttctgttaa2220
ttcacatgac ttgagcttat agctatgtct actgcacaga ttgggtaattg gaacactaaa2280
cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac2340
tgtcttgttg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaaa ataagcatca ccttccatt2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcgacatt2460
tggtatgtct ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta2520
tgctcaaag gaattctatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgcctttggg gatttatgag2700
gattttttt ggtgggggga gggggtcca attcatact ctgaaacctt ccacactgg2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgcctgcc ctaacagaaa cagattagga2820
atttgtctac caaacctggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt2940
attcacagta at 2952
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gcaaggatgg	tctcaatctc	gacctcgtga	tccgcccacc	ttggcctccc	aaagtgttgg	60
gattacaggc	gtgactcacc	atgccagcc	acttagtttt	ttcttattcc	cacctttcta	120
tcccatagaa	cactcttttt	tatcttcctt	gaaccatatt	gatgagataa	atagggctgg	180
gggctggggc	ccgctgggtca	ctcaacagag	tatttccttt	ggccgagatg	gaagttttgt	240
cccaatagat	gagctgctga	gtatcaacaa	ggtgacattt	ttctgctgcc	catttgtgtc	300
ctggagacgg	tggtagccctg	aaggcagagg	ccagctgccg	caagacagca	atgacagtcc	360
acctgccgac	ctgattcctg	catcatggaa	taaccacatg	gctaccttct	atcctctgtt	420
cccaaattgg	ggtggcactt	atcctgaagt	cgtcaatgat	ttccctttga	aactacttta	480
ttttactaat	ttaactattt	ttgtactgat	gtagccctga	ggtagtccat	gaaaatgctg	540
tgcactcatt	ccatggaata	aatgttggaa	agctgatctt	ttctgatata	aaatgttgaa	600
tgataaaaaa	aaaaa					615

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgc ggaacatttc acaaatctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtctc catcaaagt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaacccga acccaccaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccctc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaaact ctgcttacc cttcatagga cccttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttaaccaag cttttggtgc atagcagcct ggttggaagc 600
attctgagtg cctgtctctg cctgggtggg ttcatattcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaatcctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tgggaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggt gagtgtgctg 900
gccggttca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcatt 1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct gggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtta agggcattta cacacgtaac 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgcccctgg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaaggg agtgagaggt 1440
gggggtgggg gggggaggag ggggggccgt ttaggggggg ccggggtt 1488

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggctcga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtagggt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttgggaagt 120
tttctttgcc ttagtttttg aagtaaatc tagtttgtag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaaaattga ccttgatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg tttccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaacctct 480
caatataagc tatgaagtaa tagttgggtg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaattac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaaga ttaaatcttg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgcctataat ttgccagtag ccacagatta agattatate ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggaggggt ggaaagtttt gggggggggg tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc ttaataaaag acttgtctta caccgtgtg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaat acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat ctctctttac cctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgcctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccttttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttccta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgtaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatgga 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagtg ggtggcaata ttcagtgcct aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgct caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt ttttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgcggag ccccgccaac cggcccgacg 60
gagcgcagga ggttccccgc cgccgcgcgc ttggccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc gcggctcccc gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttcccca 240
tgccagcgtt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaataaac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtcac tggatgggaa gcactgttga aaattccaac caaaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagttca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat ttttcccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgccttggtg caacatacaa ttgcaaaaga tgagttaaaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatatattg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatataa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttatgt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaatct gtggcacaat 1080
caatgtaagc atggggtttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac 1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctgggttttg tatatatcca ttccagctta 1200
atgcctctaa ttttaaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aatttttaaaa taataataat 1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

ccacgtagcc tcgtgccgct gcggtgcagct tctgtctccc tgtttttcta atcaaggggt 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgctgca aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagaggggaag tgttcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggctggaga atctcacaag cggaccagag atctttttaa atccctgcta ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaagggtta cgaaactcat gttcttctcc 300
agtccctgtg ggtttctgtt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tctttcatgg cagaatgctc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttattttaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgcct gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactct gtgtaaaggc caacagatth ttaatgtggg ttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa cttgcctttt tccccaaaaa ataaactctc aggcaagcat 720
ttcttttaag ctattaaggg agtatatact tgagtactta ttgaaatgga cagtaataag 780
caaatgttct tataatgcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattcta 840
ggatgtagaa atctggaaag ttcatcttct gggattcact tctccaggga ttttttaag 900
ttaatttggg aaattaacag cagttcactt tattgtgagt ctttgccaca ttgactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaagcagc tgttttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacaagc acaacagggc ttgcactaaa gaattgtcat tgtaataaca ctacttggtat 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc aaaaaaagtc aataatttgt caccttgggg 1140
ttttgaatgt ttgctttaag tgttggctat ttctatgttt tataaaccac aacaaaattt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcat ttcaaataga aaaaaaaaaa 1260
aaaaa

```

1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/47655

PCT/DE99/00909

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgtc gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctccataaaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaatttcca aatgttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaatttttaa aatgagctct cctttcaacc 300
cttgtaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatatt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg 480
ttgtaaataa catcaatgca tctgctgtgg gtcccttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540

```

```

ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttactttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctctttttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaagggtcact caatcccttg ttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcage tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atttatttagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaagggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctctctgac1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttgga tcgtgtatcg1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
gccactgta ttttcttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
ggactgaagc taaatttgta ctttccataa tatacattct gcttctggct tatcttctg1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggg gaaggtccct tttccttga tgtgtagtta1440
tatgatcttt ttaaattgtac agatattttg ctataaaaac ggtgcagttt tttatggttt1500
ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaaata ttgttttaaa1560
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagtg1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg1920
ttggcatgtt ctttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa2040
actattttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa

```

2073

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggttttt aatgtatttta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggttaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
gattttttcc ttngaattaa cttaatgtgt tctcttcctt acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tatcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat cagggaagaa 300
aaaataaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttcgt ttttgattgt 420
gttgggtgtc tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaacatca aacttatttt tatagaagt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaa                                     850

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactcttc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttgggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaacttgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcggtg aaaaagctag ttatattttc gagaaatgat ttccattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttccctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa agggaagaaa ggggagaagg gaagagggtta aaaaataagt gctcagacct 720

```

```

atgaacgtaa tccctttgct agaaatatatt aagagcagct cagcttgggtt gaaactgagt 780
tttgcacatc tccatatattg caggaaggta tttcttgact tgcaatgcag ctgatgttaa 840
aattttatatt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgaggggtt 900
cctgtccata tctggccttg atgtgccaga aagcagagaa tagaaaaatg aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaacact ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggcctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaaactta cagcagagag 1320
tcacaggcca cggcaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattat tctcaactca 1380
cgttttaata atacatctta ttatttttct agtagagaaa ctacaaatca gcctcttcaa 1440
catttatata cagttaata agcctcttgc aagttacttg ttctctcacc tgaggtattt 1500
tttccctccc cacttgccc ctgttccctc ctctctcttc tccctttgca agaggaaata 1560
tttaacatat ttgggtccaa cttcaataat gtaataatta atacattaaa agcatttaac 1620
ttcctttcta gaaaaatgca caggctaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgagaa 1680
atttgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagttctt tttatgtcat 1740
atagtgtcag gatttgaagg agctattttt ttttaatgtt gcaactagca actcatcttc 1800
ggaagacaca gccaggagaa tgaagtagaa gtgaaagggt tataaatcca tttgtaagca 1860
tttatcccat atattttaaa ttcaagaaaa attgtgttta tctttagaat tttgtattca 1920
atactttatg tactatgtga ctcatgcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctg 1980
taaccacaat cacacatatt atattaaata tatatctata taacagccaa aaaaaaaaaa 2040
agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtggggat gtacttgtga 60
tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaaa gggagaagac actggcagag 120
ttcacctgtc tcaaatgaag attatcactc cacttgatga acatcttaga agcagaccaa 180

```

```

acgatccaag ccacgctcag aagcctggtg acagtgggtgc tectcatgct gtcgttcttc 240
atgatttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attggtttat 300
cttctggaga agatagatac agattggtac agagggaact gtagaaacca gattggcata 360
tttcctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
gaatgtgttt catctcattg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcgggt tgaatatatt 480
ggagagcaga aggatgagtt gagtttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
gtgaatgagg aatgggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctgggatttt cccctgaac 600
tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgcaa atgttttaag caciaaggta 660
ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaaactctc aggttaacag tcttcggca 720
gaatggtgtg aagctcttca cagttttaca gcagagacca gtgatgactt atcattcaag 780
aggggagacc ggatccagat tctggaacgt ctggattctg actggtgcag gggcagactg 840
caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtgaggc cctgcccagc tgaggcaaaa 900
agtatgttgg ccatagtacc gaaggggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
ggagaatgaa gatgaacttt cttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatatt ccaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaal 1200
aagaaatata taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
cagcatgggg aggtcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaagaggaca ttaatatatt 1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaa 1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gataatttac tgactagtgt gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgcccac 1680
caaaataatc tttatgttac caagtgtatt ccatttgtct aaggatttga agggggtcta 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatcctt gaaatgcctt gctaataaca 1800
ctaatacttc catatatgtg ccataactat ttttttctc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgtaa 1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaataatt 2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
agataaaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acatttttagc ttttattgtt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatatat acttggctct 2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
gaatggaggt gg
2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
cataatagtt aactctactt actgttttta catacatttg atttaacaaa ttgttcagca 60
taacacttct aattaagttt atcaagttgt actgtattag ataatcagca gtgtatctgg 120
agtatgttta aagagaacag ttcgcaatac aaaaagttac atggagcttt acatcttaac 180
tttctttgtc aatttaaatg caatgtataa aaagtttatt ttgctattgt gaaaaactaa 240
atgtaaagga aatcacctac ttcatgacag gtgtataatc ttgaaaagga aaaatgcttc 300
catgttgaag ccagattttc tgtagtaaaa cttttaaata ttattttaaa agaaatatgt 360
atataaatat ctctatatcc tttggaatga tactaaagtc tctggtctag gaccatacct 420
tatataaagg tataagagac catgacaatg tctgaaaatg gaatagataa tgatgccttt 480
tatttaaaagt ggcccacata atatacattg agtactccat ctctccaaat gtatttccat 540
aatgtgttga aaacatgcta acatttgtat gatttttata cttctgccga atagacttag 600
aatcagatga attgtctgtg tgtcttgcaa aagagttggg gacaacttgg gcaggcctat 660
gaagtgcata gggagtgtat gtcttctgaa tgggttttatt gttcttgtaa tctagcttaa 720
agaaatgtta actgggaggg tgctgaggcc actcactgca ttaattttgt gtgttttagag 780
ttctgttgct aaaagaaaac taatgaataa attagtttgt cattctagaa tttaaagttc 840
taagattagt ataaagagta tatagattgt taatccccac cagctagact ttgaacttaa 900
gtcagactta aagatttgag aaattatttg tgtcatttac tagacgtgat ttttagttct 960
gtttgattat atttcttaca caaacttctt atttaacagg atagcctact aaattaaatg1020
tttcttattt cacttaactc atttgattaa actgtattct aaaacatttg gggtttttcc1080
ccctattcag ttttaatctt ggaatatgca tttgtaaatt gtgatgtcat tgagactata1140
tttatatttg acttggaac attaacatgt cctaagactt agtgcagaga agcttggcag1200
tacgttcttt gacttaagga tggcataaaa taatcatttt tgaacctgtg taataaagct1260
tgaaagcagg gaaaagaatt tccttttccc ctttttttgt gttgtctata ggaattaact1320
tgggattgtt ttgtgggttt ttgtttgttt taaatgtaaa ttgagaatct tttataagaal380
ataaaagcat tattgggtgc ctttgtttgt aaacccaaaa gtaataaatg aatccctata1440
tttccattat agtatttatt gtatttttat gttctgaaaa ttacctatgg aacaatatgc1500
ttaggattac aggaagcagt ccttacttac acttcttgct tgtttttaggt gtacttggtal560
attcttatgt cctaatttta ttttaattctg agttccttac acagcatttt agggaaagaal620
tacaggcagg atgacacttt gtgttaaagt gttattttta tgtattacct ggaatgaggc1680
agggtttttt ctgttttcta aaaagagtaa ccaagatacc tccagggtgt cattgggttc1740
cagctgctct cctccacatt gaatgatatc ttgttaattt ataggcacat ttgtggtaat1800
ttatatgtct atagagtaag tataagagat aattcattag taataggaat taactgacct1860
cttttggtat ggggagagca tcagggtggg gtcaggtaag tgtaaatggc cttctgagca1920
tgctcttcta ggctgactcc cagccctgac ttgaaacctt tagcgctaac ttgctctgtt1980
ttgagaaaaa ctttccaaac ttttgcattga gaaactagaa aaagggaatg atgccacgta2040
actggattac agaaatgagt taattgtctc tgtgataaaa aaaaaaaatg aaatattttc2100
ttattgaatt aatatttttg tcttgaagca tttctagtgt atagaatgta tttgtctttt2160
ttcctggtgg taccctctta gcatatatct ttgctatcct taagatccta aacaaatcat2220
```



ctttgtcagt taagtatagt tgcgcaaaaa ttgttaaata ctttgtcttt attaaagaaa2280  
 aatttgagta acaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccgaa ggccaggggg 60
atcccgcggc ggccgagagg aggcggagga gcaggcgggt gaggcgaggc aggaagagga 120
gcaggacttg gatggtgaga aggggccatc atcggaaggg cctgaggagg ggggacggag 180
aaggcttctc cttcaaatac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
tgaccaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
gtcctcctaa aggccttttc ttttggcatc ttaaaagcct gagagataaa acggaaaccc 360
cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
tagaccctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctgggaacac ctttggccct 480
gccttgtgta gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccaactcaaac ttgctatcca 600
cacaccctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagagttcac tttcactcca 660
gtctccctc ttttgcctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
aatgaggta gagctcacct gtgctcacca gtcctgctag ggtgggtcagc cgaccctttt 780
ccctgggaac cccacttctc tctgtggtg gcttggttgt cgggggtgag atgccatatt 840
gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttatttttc 900
atctagagga atctcggtt cagccctttc attgctaaga caccttttca ctgaggttct 960
taccagctca gccaaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa 1020
gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagtttaga cttcagatca 1080
tcagatcagt ctcaaatggg tttcttggaa ttttatattt gacaatattt atactatacc 1140
aaactcattt gtcattctta ggtttgttgg ttaaaacatt tttttaaaag agtaagttta 1200
tagaaaatgt ttctatttaa tggaaggctg gggaatgtcc agcatcaacc cctatggcat 1260
gcattcccag tggccttctc atctgggctt ggaacctttg gttcagggtt taggggagaa 1320
caggccacat ggcaacagcc acacagtcac tgccttcaac acagagccac gtgtcccca 1380
acagcaatag tcatgccctt gtccaggctg ggatctaatt gatacaatag gtcgttgact 1440
ccctcctagt agagctatct aggtttgtct ggaaagtttc cgaccctggc ttataggcac 1500

```

```

cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtatc agcctttgtt cagtccaata1560
aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaagg gggagaaggg aagaaggaga1620
gggcacaaag gcggaatggg ggtgagcttt                                     1650

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

cgccccgcgc cgccccgcgc ctgtcagctc cctcagcgct cggccgaggc gcggtgtatg 60
ctgagccgct gccgcagccg gctgctccac gtcctgggccc ttagcttcct gctgcagacc 120
cgccggccga ttctcctctg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggctgt gttcgtcctc 180
ggcgccccgc gcgcgggcaa ggggacccag tgcgcccga tcgtcgagaa atatggctac 240
acacaccttt ctgcaggaga gctgcttcgt gatgaaagga agaaccaga ttcacagtat 300
ggtgaactta ttgaaaagta cattaaagaa ggaaagattg taccagttga gataaccatc 360
agtttattaa agagggaat ggatcagaca atggctgcc aatgctcagaa gaataaattc 420
ttgattgatg ggtttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatggaacaa gaccatggat 480
gggaaggcag atgtatcttt cgttctcttt ttgactgta ataatgagat ttgtattgaa 540
cgatgtcttg agaggggaaa gagtagtggt aggagtgatg acaacagaga gagcttggaa 600
aagagaattc agacctacct tcagtcaaca aagccaatta ttgacttata tgaagaaatg 660
gggaaagtca agaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagtttttga tgaagttgtg 720
cagatttttg acaaggaagg ctaattctaa acctgaaagc atccttgaaa tcatgcttga 780
atattgcttt gatagctgct atcatgacct ctttttaagg caattcta atcttcataac 840
tacatctcaa ttagtggtcg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaatatt tttatgttct 900
tttttttggt cacaggagta gacagtgaat tcaggtttaa cttcacctta gttatggtgc 960
tcaccaaacg aagggtatca gctatttttt tttaaattca aaaagaatat cccttttata1020
gtttgtgcct tctgtgagca aaacttttta gtacgcgtat atatccctct agtaatcacal1080
acatttttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagtttta aatttccaac1140
cttaagtga tttgtggacc aaatttcaaa ggaacttttt gtgtagtcag ttcttgacacal200
atgtgttttg taaacaaact caaatggat tcttaggagc atttttagtgt ttattaaatal260
actgaccatt tgctgtagaa agatgagaaa acttaagctt tgttttacta caacttgtac1320
aaagttgtat gacagggcat attctttgct tccaagattt gggttggggg cactaggggt1380
tcagagcctg gcagaattgt cagcttttagt ctgacataat ctaagggtat ggggcaaggal1440

```

```

tcacatctaa  tgccttggtt  ccttatactc  tattatatag  tggtattcat  gattcagctg1500
atccttaacaa aattcgtagc  agtggaaacct tgaaatgcat  gtggctagat  ttatgctaaa1560
atgattctca  gttagcattt  tagtaacact  tcaaagggtt  ttttttggtt  gttttctaga1620
cttaataaaaa gcttaggatt  aattagaaga  agcaatctag  ttaaatttcc  catttgatt1680
ttattttctt  gaatactttt  ttcatagtta  tttgtttaaa  aagattttaa  aatcattgca1740
ctttgggtcag aaaaataata  aatatatctt  ataaatgttt  gattcccttc  cttgctattt1800
ttattcagta  gatttttggt  tggcatcatg  ttgaagcacc  gaaagataaa  tgatttttaa1860
aaggctatag  agtccaaagg  aatattcttt  tacaccaatt  cttcctttaa  aaatctctga1920
ggaatttggt  ttcgccttac  ttttttttct  tctgtcacia  tgctaagtgg  tatccgaggt1980
tcttaatatg  agatttaaaa  tcttaaaaatg  tttcttattt  tcagcactta  catcatttgg2040
tacacagggt  caaatagggc  aaataatttt  gtctttgtat  aatagatttg  atatttaaa2100
tcaactggaaa taggacaagt  taatggatgt  ttttatattt  taatagaatc  atttatttct2160
atgtgttatg  aaattcactt  aatgataaat  ttttcaacat  acttgccatt  agaaaacaaa2220
gtattgctaa  gtactataac  atattggcca  ctaaaattca  tattgagatt  atcttggttt2280
cttggaagag  ataggaatga  gttcttatct  agtggtgcag  gccagcaaat  acagaggtgg2340
tttaatacaa  cagctctagt  atgaagcaag  agtaaagact  aagggttcga  gagcattcct2400
actcacataa  gtgaagaaat  ctgtcagata  ggaatctaaa  tatttatagt  gagattgtga2460
aagcaacctt  aaagttttga  agaagactga  tgagactagg  tgctttgctt  ctttcatca2520
ggtatctttc  tgtggcattt  gagaacagaa  accaagaaac  atggtaatta  ctaaattatg2580
aggctttgct  ttttggttgc  ttttaagtag  aaaaacatgt  tggcaacatt  gagttttgga2640
gttgattgag  ataatatgac  ttaactagtt  ttgtcattcc  atttgttaaa  gatacagtca2700
ccaagaatgt  tttgagtttt  ttgaaagacc  ccaatttaag  ctttgcttat  ttttaaat2760
tttcattca  gtgatgttg  atgtatatca  attatttagt  aaataatctc  aataaatttt2820
gtgctgtggc  ctttgctaaa  aaaaaaaaaa  t

```

2851

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca  tggcggtccc  actagggggt  atgttttctg  ggcagccacc  cggccccct  60
caggccccgc  cgggccttcc  gggccaagct  tcgcttcttc  aggcagctcc  aggcgctcct  120
agaccttcca  gcagtacttt  ggtggacgag  ttggagtcac  ctttcgaggc  ttgctttgca  180

```

```

tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt 240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgctgta ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacattttgg aagaactcct tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccgc ggtggtgtgt agaaaagtat gtaaatttgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

agcttgccaa ttctgtaact ccttgggata tcttgetgag ctttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccaggt gttaatcaac ctttccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaatacc tcagtactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctagccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt 300
tgtttaggtc ccatttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggctttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtgggaat 420
taagcaagca gtggagtga aaagtaacgg aggaattcct ccatcaagga gatatagaaa 480
aaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgatcgtca cactgaatct attgccaaca 540
tccagattgg ttttatgact tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatccag acaatgcttg gacacgtggg gctgaataaa gccagctgga 660

```

```

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg gggctcttgag gtgagagaac ttaactcttg 840
actgccaagg tttccaagtg agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcttc 900
tggttgatca tttgaaccca cttgttaatt gcaagacccg aacatacagc aatatgaatt 960
tggttttcat gtgaaacctt gaatatgcaa agcccagcag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact ttttcaaagc atctaattctt caaaacgtga1080
aacttgaatt gttcagcaac aatctcttgg aatttaacca gtctgatgca acaatgtgtal140
tcttgtagct tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattggttc taaattgcct1260
tgtagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaatttaaa gatcaaactt tagactgcag1320
ctctttcccc ctggtttgccc tttttcttct ttggatgcca ccaaagcctc ccatttgc1380
tagttttatt tcatgcactg gaaactgagc atttatcgta gagtaccgcc aagctttcac1440
tccagtgccg tttggcaatg caattttttt tagcaattag tttttaattt ggggtgggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgtatta tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt1560
tttactact gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc aggttatttg ccaatctgaa ataaaagtgg gatgggagag tgtgtccttc1680
agatcaaggg tactaaagtc cctttcgctg cagtgaagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctc1800
catgtgggca aagatttgaa atgtaagctt ttatttatta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcgggggag gggaagggtg gtaggtaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaaat atgcacatag ctaagtgacc aaacttcttg ttttgatttg aaaaaagtgc1980
attgttttct tgtccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgttt tctaggacaa actataagga ctaattttta acttcaaaca ttccactttt2100
gtaatttgtt ttaaatttgt ttatgtatag taagcacaa tgtaatctag ttttaagaga2160
aaccggtgct ttcttttagt tcatttgtat ttcccttggt actgtaaaag actgtttatt2220
aattgtttac agtttggtgc aacagccatt ttcttgggag aaagcttgag tgtaaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgccat actcatttta atatgtgcct gttgctgtta acttttgatg2340
aataaaaacc tatcttttca taaaaaaaaa aaaaaa

```

2375

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 60
cagctgctat gccgtggaaa tccgtgtttac tttctgcac tgctcctgca agactctgga 120
gccagtcttg aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca 180
atgattagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttctgtga aaattcatgt 240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gcttgtagaa accactttta tcatatccag 300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaac tgtgggctca tgcgtggggc tgtcattggt gctgtcctgg ctgtgtttgg 420
aggatattct atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggtttaa acaggcacag aagttttacag 540
acagtttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagttaag caaagaggtc cttatacgta cagagttcgt tttctagcca aggaaaaatg 660
aaccocaggac gctgaggaca acacagttct tttcctgcag cccaatggtg ccattcttca 720
accttcacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc 780
agctgcatcc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaatt atcctcaatt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccatct ttgagtttgg tcccgtaacc tgttactacc acagttgggtc tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tcctattggg aaagtcactg1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagcttc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgag gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac1320
atcatatggt gtgctagaca tcagcaaatg caaagaaggg agacctgtgt acatttcaact1380
tccctatttt ctgtatgcaa gtctgtatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaa1440
tgaagaagaa cataggacat acttggatat tgaacctata actggattca ctttacaatt1500
tgcaaaacgg ctgcaggtca acctattggt caagccatca gaaaaaattc agtgagtctc1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctggtatca acttatcttt agcttaatgt1680
caccaatcag tattaatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaal800
taattaattt ttggaattca tat

```

1823

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
tgaaactcct gttttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacgat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatcctgcg gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtggtgtc tgctgtgagc gaggcggggg cgtctggaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatcgtgaa cagcgccttg aagctgtatt cccaagataa gaccgggatg gtggactttg 300
ctctggaatc tgggtggtggc agcatcttga gtactcgctg ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagctctg tttgggatcc cgctgtggta cttctcgtag tccccgcgcg 420
tggtcatcca gcctgacatt taccgccgta actgctgggc atttaaaggc tcccaggggt 480
acctgggtgt gaggtctctc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatcag gaagaagggc agcttctggg acagttcacg tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tgaaaagacc cgacgacaca gctttccaaa 720
tagtggaact tcggattttt tctaactggg gccatcctga gtatacctgt ctgtatcggg 780
tcagagttca tggcgaaact gtcaagtga gacactactc attatttttg tacatttttg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcatgg acgagggcat atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgctggc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgcctt ggcgccacct gttgggtgct cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc 1020
agcaggagaa gcgtgttgaa cacgtggctc tcagacactc cttgttttta acgggaagct 1080
ctttgcattt gcatttcctc aacaaaggag caaagcagag gaagctgaga gtctggcgtg 1140
ttcttgacgc tttggtcttc agccttgcac tggctcttct aaaggacttt tggagggcag 1200
ataatttcat ctgttaaact caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtcaccaaatt 1260
tttcagagtt ctaaactcct ttcttcaag ccggaatttt ctttttttca gcaccagtag 1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgctttg ttctgcttta 1380
cctctgagca aggtttccag tcaggactcg ctgtaccaat atccatggag gaatatggga 1440
gcgtttcggt ctccttgtag gctgaagtca gtctgacttg aaggggcctg gtttggatct 1500
aagcaaacac ccagatggg ttctctggtc tcagcaaggc ttttctgttt gggagtcaca 1560
gtaaacagaa acccaaaaat ctcatcttgg gtgttttcag ggcttgtttt gagttttgct 1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagcctc cctctcactg gtggtgataa gaggagccgt 1680
ctggtgtgtc agggtcacga acccggtaca tttcaggacg atcctttttc cttcagcagc 1740
atttcttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtcacca ttctcacgtg 1800
attcttgtga gactcttttt ggttataatt actatttaat atttagacta ttttactgag 1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattattta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa 2040
atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttctact ctcttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcatatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttggggtgga aatattttga 2220
atattaattt attttttaaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgctgc caccaaattg ataagatgct 2340
attaagaggt ttaaataaag agtttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcatggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg ctgtgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaatatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac tgtaggaagt cagtgcaggg tgcagtcttg attgatagat attgattggt 360
tttcagtcctc tgggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactatct 420
caagtcaaca aactgaaaaa ctgcttttctg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggtg 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcatcag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgtc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aatttagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatggtatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcattc acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtctgggt tcatttccat cttcccacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttta 1140
aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1950 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```
gggggtcgcg  gccctgattg  cgccggtttcc  ccgcgccagag  ctcgccggcg  ccccgacggg  60
ccccggagca  gcggcccccg  gccggccccg  cctcagcctg  gagctccagc  taccacatg  120
caccttacct  gggttccgcc  cggtccctga  gtccccacaa  aatggctgat  ggaggaagcc  180
ccttcctagg  tcggagggac  ttgtgtctacc  ctctctcaac  ccgagaccct  agtgctcta  240
acggaggggg  cagcccagcc  aggaggggaag  agaagaagag  aaaggccgcc  aggctcaagt  300
ttgacttcca  ggcgagtc  cccaaggagc  tgactctgca  gaagggtgac  attgtctaca  360
tccacaagga  ggtggacaag  aactggctgg  agggagagca  ccacggccgc  ctgggcatct  420
tccctgctaa  ttatgtggag  gtgctgccc  cagatgagat  ccctaagccc  atcaagcccc  480
cgacctacca  ggtgctggag  tatggagagg  ctgtggccca  gtacaccttc  aagggggacc  540
tggaggtgga  gctgtccttc  cgcaaggag  agcacatctg  cctgatccgc  aaggtgaacg  600
agaactggta  cgagggacgc  atcacgggca  cggggcgcca  aggcatattc  cctgccagct  660
acgtgcaggt  gtctcgtgaa  ccccggtctc  ggctctgtga  cgacggcccc  cagctcccca  720
cgtctcccc  cctgaccgct  gccgcccgt  cagcccgtga  cccagcgcc  cctcagccc  780
tgcgacggcc  agctgacccc  accgacttgg  ggggacagac  ctcccccg  cgcactggct  840
tctccttccc  caccagag  cctagacccc  agaccagaa  tcttggcacc  tctgttccag  900
ctctgtccca  ctctcgaggt  cccagccatc  ccctggacct  ggggacctcc  tctcctaaca  960
cctctcagat  aactggacc  ccgtaccggg  cgatgtacca  gtacaggccc  cagaacgaag  1020
acgagctgga  gctgcgcgag  ggggacagg  tggatgtcat  gcagcagtg  gacgatggct  1080
ggtttgtgg  tgtctcccg  aggaccaga  aattcggaac  gttccctgga  aattacgttg  1140
ccccggtgtg  agtggctctc  atggcaact  ggagccagcc  aggatgggg  ggggagcgg  1200
ggcactcgtg  ggagggagag  gacccccgc  cacatctctc  tccccagga  cctgagctcc  1260
cagcatctgc  agacgacccc  cgcagcatt  cctcggacc  cccctcgaag  cccctggac  1320
tgattccac  ccacgactca  caggcattc  tcccacagcc  ctttcatttc  ctccccaccc  1380
cactcccaaa  atacagaggt  ctgctttgaa  gcggagacca  tttccaggcc  ttattgagac  1440
cagacccaa  gtccccacc  cccatcctgc  tccagcgtt  cctctaacag  ggaccagctc  1500
tccgctttgc  cccacgggg  ttcttctaac  cagaaccagc  ttctagcct  cgtagagacc  1560
aaaggccgcc  ccgcctgct  ggggttctc  ccagcacc  agcttgctgg  ctgcccctct  1620
tgctttctg  cctccagctg  ggtgtgggg  ggcggaaca  gcgggggaca  gacgcagcac  1680
cttcttagcg  atctaggcct  ggcaagagct  ctggcccaa  ggctcctct  tcccaggggc  1740
tgccaagtcc  tggccctggc  cctggcatat  caccgcgac  tgtggggcca  ggcaccacta  1800
gcctggctca  aatattcccc  agggagactg  ctgtgtgctg  ccgcctgccc  tgctggctct  1860
ccccagccc  cacatccct  ctggaagaga  atgtaaaata  aacctggaca  caagggaag  1920
aaaaaaatag  attggggggg  aggaaaaaaa  1950
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag ccgggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggcct gggaagggtc cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttcctg catgatgctg gggagcttgg cgcttgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gtcgcgcca cgaagggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
gettaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cttttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcagggtt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcac ttcccaggct ggcgagagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag ctaaatcttc cctcttaatg 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttghtaat atta 814

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 747 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtag cccggccccgc tgtcgccgcc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcacgc ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgtcctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcctctcc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgcagc ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgtcgctgcc gctctgctct ctcatagcgc tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc ctgcgccccg ttccacctcc caggccaccc ttccctgggct 480
tctggggcac ctgccctcgg ggggccccctg cgagggtgcc tggagtcccc acgtgtcccg 540
gggcttttcc aggaagcccc agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gtccttttct ttgcagtgtg ttttctacaa ccagattgta ttaatatattt 660
ttactttgcc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacctttc ttccaagaga aaggagc

```

747

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgcctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgctgca tggaatttct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcgga tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggccctgcgt 240
ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtggaga 300

```

```

ccccgggctg agtgetgtgg ctttctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgag cgttgggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgtccc 420
tccccacggt acctgggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagttg agaacagaac 480
attccataaa ggatatttcc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta ttagaaaagg tcttagattg tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgccgag acattttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcggggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct ccagtggtgg aaggcccttt 720
tccctgagga gtgggcattc tgggccagcc ggcgctgget tctgtcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgtgtctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttccagc agcccttggc tctgcgcgct ctcttcggg ctgtgggcat 900
gcagggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcca gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc ccgcgcgcag ccagcccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg 1080
gggttttcc agctactctg ttccttcacg tccctccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggttgacc cttgagcag cagtcagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcgccttcc tctgtccttc ctgctctttc ttctctgccc 1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgttac acctgggctg cctgggaggc ttcctggtgt 1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggagg ggtctgttgt 1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggctgaaagt cctcgccttt tggggggggg gtctctcacc 1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggtgt 1500
ggatgtcttg tgacccacg tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac 1560
cctgcagtga gggaagaggc caccagggtg cagcacagcc acaccgctc ccacgtcaga 1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttc aggagctgaa 1680
atccacctgt tcccatcttc cttgcctgcc tgggtacttc tgccaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgtctcttg ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtggtccca 1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgct 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgtgccc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcaggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggtcctg gcctctctgt gtcctctgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt ttaagtgtct 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt atttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggcgtgtggc 2280
agaatcgcac cgccccggt cccagccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgtgggtg taactgcgt gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa
2419

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV T GK LQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60  
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKA AVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120  
SVELWLALAR LETYENARKV LNKAREN IPT DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180  
SLRANGVEIN REQW IQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240  
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300  
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360  
PPPGCS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVG NGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60  
VS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEP

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEEND GHWF

54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNP QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60  
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60  
PKPLVCAELA L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60  
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120  
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF180  
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPP EQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240  
SPPPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA300  
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360  
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

KRCQRKQPLR GIGILKQ AID KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60  
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120  
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD180  
NNMGLVKQCL SS LYKKNIQR LTKTFLTL SL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA240  
SINQKDG MVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300  
SQEDDSGNKP SSYS 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILA EYH 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSSYQC PQGQVIVAVR 60  
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRFY120  
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFSAYER180  
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60  
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE120  
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180  
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA240  
KLGKKVI 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMG GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNATIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLNRK 60  
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRLGF120  
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP180  
ETEVLEVN 188

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60  
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120  
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE180  
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWKQ240  
RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPSGFVL CLANDLGYHF 60  
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VP GALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSDADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPKG 60  
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60  
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60  
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120  
KGCSGTLPPN LLEDPECGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60  
AEKKSGRRSR RQGWWTQVGV RLKSGSETRF DHTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120  
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR180  
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTfamGfMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60  
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT100  
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60  
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFKS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60  
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60  
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120  
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNVDEGFGH RPHKDLWASK180  
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQOEK EDKPAETKKL240  
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS300  
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360  
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420  
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60  
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60  
EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPPEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120  
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ180  
LQDCFRLEIK AQAPEGQPR LDQGSASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240  
VSSLQGLPAE LQPPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300  
LEGLQHNPL SWLVGPFALP AGGQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTTCV PPCDNEKSE AIIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60  
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK120  
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60  
RSVRKGIMAY SLEDLLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ120  
KGQKWQPPSE QGTRH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
EACAHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RGGGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180
EHVQQTFRTE IKI                                     193
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM
```

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60  
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGGD 60  
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGI LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120  
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180  
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240  
PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLEFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVY QIYSFLKLLK 60  
K 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60  
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNFW120  
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180  
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLKVVQ T 211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGV L PSQQTPLI

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60  
AISINFV FYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSKGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60  
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNH Y PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60  
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60  
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFQ 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60  
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120  
PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIILKEYV180  
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE240  
WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300  
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360  
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIIVF IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60  
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACLTG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFRRRT LRITSLFFSS LLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60  
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPQLPQPR 109



**Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)**

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
  
2. ☒ Ansprüche Nr. 33-35  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich  
Siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
  
3. ☐ Ansprüche Nr.  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

**Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)**

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
  
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
  
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
  
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:  
1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)

**Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs**

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.



Nukleinsäurefragmente zum Beispiel zur Herstellung von Volllänge-Genen, um nur einige der zusätzlichen Merkmale aus den weiteren Ansprüchen zu nennen, sind Merkmale, die an sich bekannt sind. Solche Ansprüche könnten daher nur in Verbindung mit neuen und erfinderischen Nukleinsäurefragmenten bzw. Polypeptiden als erfinderisch gelten. Im Hinblick auf das oben gesagte kann daher aber dem Gegenstand der Ansprüche 11-21 und 25-30 ebenfalls keine erfinderische Tätigkeit zuerkannt werden.

### **Zu Punkt VIII**

#### **Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung**

Eine Erfindung sollte normalerweise ein Lösung in Hinblick auf ein Problem zur Verfügung stellen. In der vorliegenden Anmeldung ist die "Erfindung" jedoch nicht offenbart und auch in den Ansprüchen nicht klar definiert, sodaß es dem Leser der Anmeldung obliegt, die Erfindung auszuführen und das Problem, das die hypothetischen Nukleinsäure- und Polypeptidfragmente lösen, zu bestimmen. Die Anmeldung erfüllt daher die Erfordernisse der Artikel 5 und 6 PCT nicht.





wurde spielt für die Natur des Fragmentes keine Rolle. Das Nukleinsäurefragment kodiert für ein biologisch aktives Polypeptid, wobei die biologische Aktivität zum Beispiel die Immunoreaktivität sein kann.

D2: Aminosäuren 15-133 von D2 haben 99,2% Identität mit Aminosäuren 1-118 von SEQ ID No. 77.

D3: Aminosäuren 5-158 von D3 haben 97,4% Identität mit Aminosäuren 143-295 von SEQ ID No. 77.

Der Gegenstand der Ansprüche 5, 6, 11-21 und 25-31 ist neu.

### **Erfinderische Tätigkeit (Artikel 33(3) PCT)**

Selbst wenn angenommen wird, dass Neuheit für den Gegenstand aller Ansprüche vorläge, dann erfüllen Ansprüche 1-32 und 36 der vorliegenden Anmeldung die Erfordernisse von Artikel 33(3) PCT nicht.

Die Ansprüche beziehen sich auf ein aus einer cDNA Genbank isoliertes cDNA Fragment und auf ein Protein, das den günstigsten von diesem Fragment ableitbaren Leserahmen besitzt. Es gibt in der Anmeldung keinerlei Hinweise auf eine Expression dieses Proteins oder auf dessen biologische Funktion. Was das cDNA Fragment betrifft, so ist beispielsweise keinerlei Zusammenhang gezeigt, ob dessen Unterrepräsentation in Brusttumorgewebe tatsächlich ein Indikator für Brustkrebs sein könnte. Die Anmeldung beschreibt also lediglich transkribierte, bzw. translatierte Sequenzen ohne jegliche bekannte nützliche technische Eigenschaft.

In diesem Fall kann jede Verbindung des Standes der Technik unabhängig von ihren technischen Eigenschaften als Ausgangspunkt für strukturelle Modifikationen als nächster Stand der Technik herangezogen werden. Das von der Anmeldung zu lösende Problem ist dann als die Bereitstellung weiterer Verbindungen zu formulieren. Aus der Vielzahl der Lösungsmöglichkeiten für dieses Problem sind in der Anmeldung einige herausgegriffen, nämlich SEQ ID No. 1, bzw 77 und Varianten davon. Diese Auswahl ist jedoch willkürlich, da sie auf keinem technischem Effekt beruht, der mit den strukturellen Modifikationen einhergeht. Einer solchen Auswahl kann jedoch keine erfinderische Tätigkeit zuerkannt werden. Der Gegenstand der Ansprüche 1-10, 22-24, 31, 32 und 36 erfüllt daher die Voraussetzungen des Artikels 33(3) PCT nicht.

Das Einsetzen der Nukleinsäurefragmente in Expressionskassetten, Wirtszellen, von dem kodierten Polypeptide abgeleitete Antikörper, Verwendung der



**Zu Punkt I**

**Grundlage des Berichts**

Zu der Anmeldung gehört ein Sequenz-Protokoll, das die Seiten 108-243 der Beschreibung (SEQ ID Nos. 1-209) umfaßt.

**Zu Punkt V**

**Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung**

Die folgende Prüfung bezieht sich auf Ansprüche 1-32 und 36 soweit sie SEQ ID Nos. 1 and 77 betreffen.

**Neuheit (Artikel 33(2) PCT)**

Anspruch 1 betrifft Nukleinsäurefragmente, die ein Genprodukt oder einen Teil davon kodieren. Der Anspruch wird daher so verstanden, dass er sich auf die gesamte in SEQ ID No. 1 enthaltene Sequenz bezieht, aber auch auf Teile davon. Das gilt auch für die Proteinansprüche 22-24. Ansprüche 1-3, 7-10, 22-24, 32 und 36 sind daher neuheitsschädlich getroffen von D1 = Marra, M. et al.: 'WashU-HHMI Mouse EST Project': vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997, D2 = Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996, D3 = Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 (Artikel 33(2) PCT).

D1, D2 und D3 sind ESTs, die die folgenden Teile von SEQ ID Nos. 1 oder 77 überdecken:

D1: Aminosäuren 1-191 von D1 haben 96,3% Identität mit Aminosäuren 104 bis 295 von SEQ ID No. 77. Basenpaar 1-574 haben 86,8% Identität mit Basenpaaren 308 bis 882 von SEQ ID No. 1. Das zitierte Nukleinsäurefragment D1 kodiert für einen Teil von SEQ ID No. 1 und beschreibt indirekt auch ein komplementäres, bzw. hybridisierendes Fragment. Die Tatsache, dass es aus Herzgewebe und nicht aus Brustgewebe isoliert



# INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909

- ☐ Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):
- ☐ Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.
- ☒ Für die obengenannten Ansprüche Nr. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37 wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

## V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

### 1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche	5, 6, 11-21, 25-31
	Nein: Ansprüche	1-3, 7-10, 22-24, 32, 36
Erfinderische Tätigkeit (ET)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	1-32, 36
Gewerbliche Anwendbarkeit (GA)	Ja: Ansprüche	1-32, 36
	Nein: Ansprüche	

### 2. Unterlagen und Erklärungen

**siehe Beiblatt**

## VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

**siehe Beiblatt**



# INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909

## I. Grundlage des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt, weil sie keine Änderungen enthalten.*):

### Beschreibung, Seiten:

1-243 ursprüngliche Fassung

### Patentansprüche, Nr.:

1-37 ursprüngliche Fassung

### Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung,      Seiten:
- ☐ Ansprüche,      Nr.:
- ☐ Zeichnungen,      Blatt:

3. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

## III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erfinderischer Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

- ☐ die gesamte internationale Anmeldung.
- ☒ Ansprüche Nr. 1-32 (partially), 33-35, 36 (partially), 37.

Begründung:





# VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

## PCT

### INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)



Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51572AWOM1XX24-P	<b>WEITERES VORGEHEN</b> siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416)	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/00909	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 19/03/1999	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 20/03/1998
Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/00		
Anmelder GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH.et.al.		

- Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.
- Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 6 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.  
  
☐ Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).

Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.

- Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:

- I ☒ Grundlage des Berichts
- II ☐ Priorität
- III ☒ Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit
- IV ☐ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung
- V ☒ Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderische Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung
- VI ☐ Bestimmte angeführte Unterlagen
- VII ☐ Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung
- VIII ☒ Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Datum der Einreichung des Antrags  08/10/1999	Datum der Fertigstellung dieses Berichts  26.07.2000
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde   Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter  Alt. G  Tel. Nr. +49 89 2399 8545 



**VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT  
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS**

**PCT**

**09/646569**

**INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT**

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts <b>51572AWOM1XX24-P</b>	<b>WEITERES VORGEHEN</b> siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5
Internationales Aktenzeichen <b>PCT/DE 99/ 00909</b>	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) <b>19/03/1999</b>
	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) <b>20/03/1998</b>
Anmelder  <b>GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH.et.al.</b>	

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 15 Blätter.

☒ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

**1. Grundlage des Berichts**

a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.

☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☒ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

**4. Hinsichtlich der Bezeichnung der Erfindung**

☐ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☒ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

**MENCHLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE  
ERHOEHT IST**

**5. Hinsichtlich der Zusammenfassung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der **Zeichnungen** ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. \_\_\_\_\_

☐ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

☒ keine der Abb.



## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie <sup>a</sup>	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 in der Anmeldung erwähnt ---	1
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 -----	1



C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project":vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project":ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 das gesamte Dokument ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
T	NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zerlp and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, Bd. 1435, 1999, Seiten 147-152, XP000872047	
P,X	& Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 das gesamte Dokument ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 23, 1995, Seiten 4992-4994, XP002127627 in der Anmeldung erwähnt ---	1

-/--





## A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10  
 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68  
 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie <sup>o</sup>	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mamary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, Bd. 72, 1997, Seiten 102-109, XP002128955 das gesamte Dokument ---	1
A	BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, Bd. 2, 1996, Seiten 1993-1998, XP002128956 Seite 1996, Zeilen 5-14 --- -/-	1

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

<sup>o</sup> Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

\*A\* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

\*E\* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

\*L\* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

\*O\* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

\*P\* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

\*T\* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

\*X\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

\*Y\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

\*Z\* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

27. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

14. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Alt, G

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.

PCT/DE99/00909

51. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 165 and 187 and 188)
52. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 166 and 189)
53. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 167 and 190 and 191)
54. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 168 and 192)
55. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 169 and 193 and 194)
56. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 170 and 195 and 196)
57. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 171 and 197 and 198)
58. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 172 and 199)
59. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 173 and 200)
60. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 174 and 201)
61. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 175 and 202 and 203)
62. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 176 and 204 and 205)
63. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 177 and 206 and 207)
64. 4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 178 and 208 and 209)

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.

PCT/DE99/00909

26. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 45 and 119)
27. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 48 and 122)
28. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 50 and 124 and 1-25)
29. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 51 and 129)
30. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 53 and 128)
31. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 54 and 129)
32. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 57 and 131)
33. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 58 and 132 and 1 and 33 )
34. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 59 and 135)
35. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 60 and 137)
36. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 61 and 138)
37. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 62 and 139-141)
38. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 63 and 142-145)
39. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 64 and 146)
40. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 65 and 147)
41. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 68 and 148)
42. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 69 and 149 and 1-50)
43. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 71 and 151)
44. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 72 and 152-156)
45. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 74 and 157)
46. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 76 and 158-160)
47. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 161 and 179-181)
48. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 162 and 182-183)
49. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 163 and 184)
50. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 164 and 185-186)

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.

PCT/DE99/00909

**ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210**

1. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)
2. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 2 and 78-80)
3. Claims Nos. 1-37 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 3 and 82)
4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 4 and 83)
5. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 5 and 84)
6. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 10 and 85)
7. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 11 and 87)
8. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 12 and 88)
9. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 13 and 89)
10. Claims Nos. 1-3 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 14 and 19)
11. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 15 and 91)
12. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 18 and 92)
13. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 19 and 93)
14. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 21 and 95)
15. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 22 and 96)
16. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 23 and 97)
17. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 24 and 98 and 99)
18. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 25 and 100-103)
19. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 28 and 104)
20. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 35 and 105-107)
21. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 31 and 108)
22. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 34 and 112)
23. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 37 and 113)
24. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 42 and 114)
25. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 43 and 115-117)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nos. 33-35

Claims Nos. 33-35 relate to a disproportionately large number of possible products and the uses thereof that are neither supported by the description according to the terms of PCT Article 6 nor able to be considered disclosed under the terms of PCT Article 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products and the use thereof.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

## Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☒ Claims Nos.: 33-35  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:  
See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

## Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
  
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)

Remark on Protest

☐

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

☐

No protest accompanied the payment of additional search fees.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/00909

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 cited in the application ---	1
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 -----	1



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/00909

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project":vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project":ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 the whole document ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
T	NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zer1p and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, vol. 1435, 1999, pages 147-152, XP000872047	
P,X	& Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 the whole document ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 23, 1995, pages 4992-4994, XP002127627 cited in the application ---	1

-/--

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/00909

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6	C12N15/12	C07K14/47	C07K16/18	C12N1/21	C12N5/10
	C12N15/10	C12N15/62	C12N15/70	C12N15/79	C12Q1/68
	G01N33/68	A61K38/17	A61K48/00		

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mammary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, vol. 72, 1997, pages 102-109, XP002128955 the whole document	1
A	BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, vol. 2, 1996, pages 1993-1998, XP002128956 page 1996, lines 5-14	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents:

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the international filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \*Z\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 January 2000

Date of mailing of the international search report

14. 04. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Alt, G



.

.

.

.

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



9/10

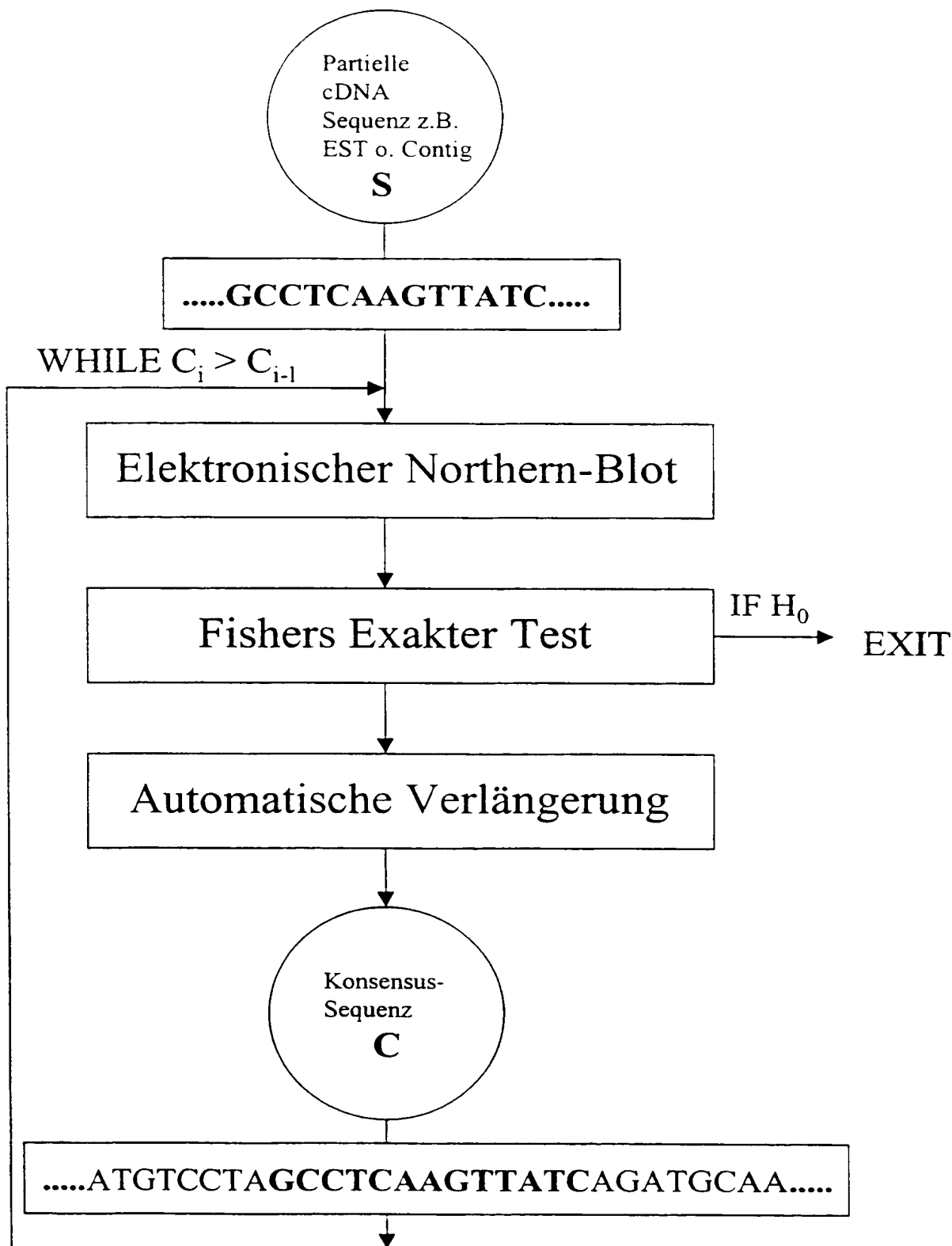


Fig. 4b



8/10

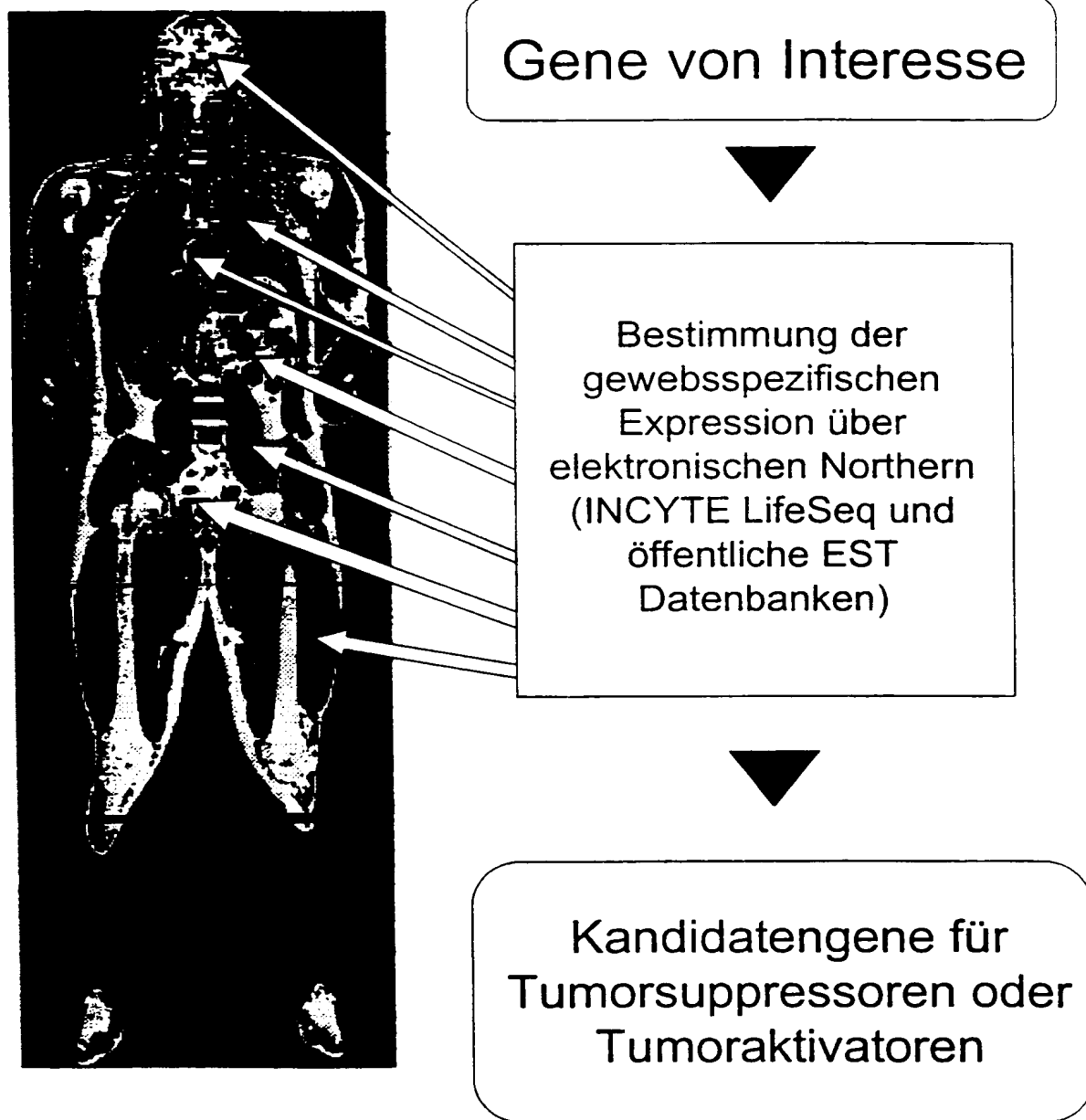


Fig. 4a





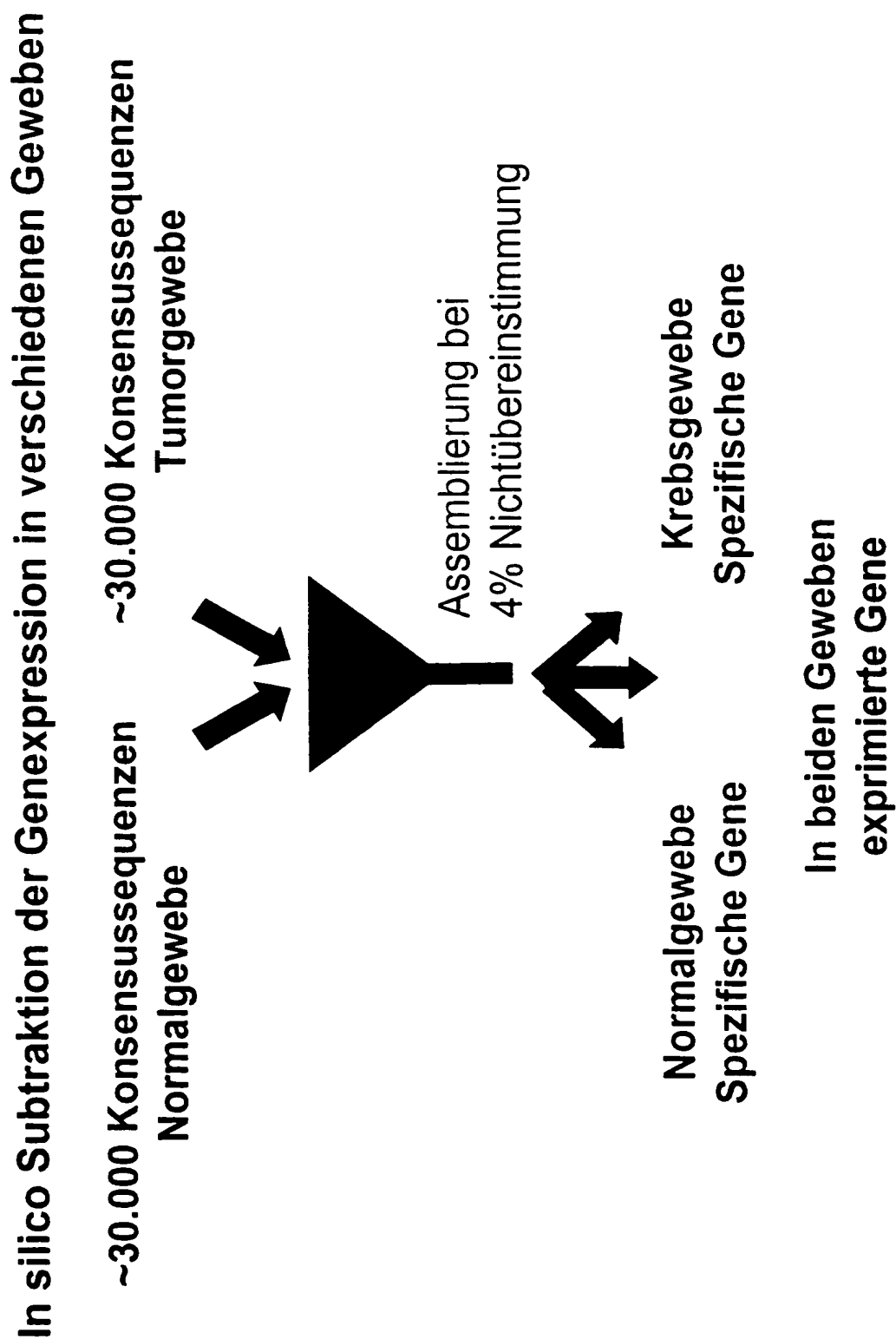


Fig. 3



6/10

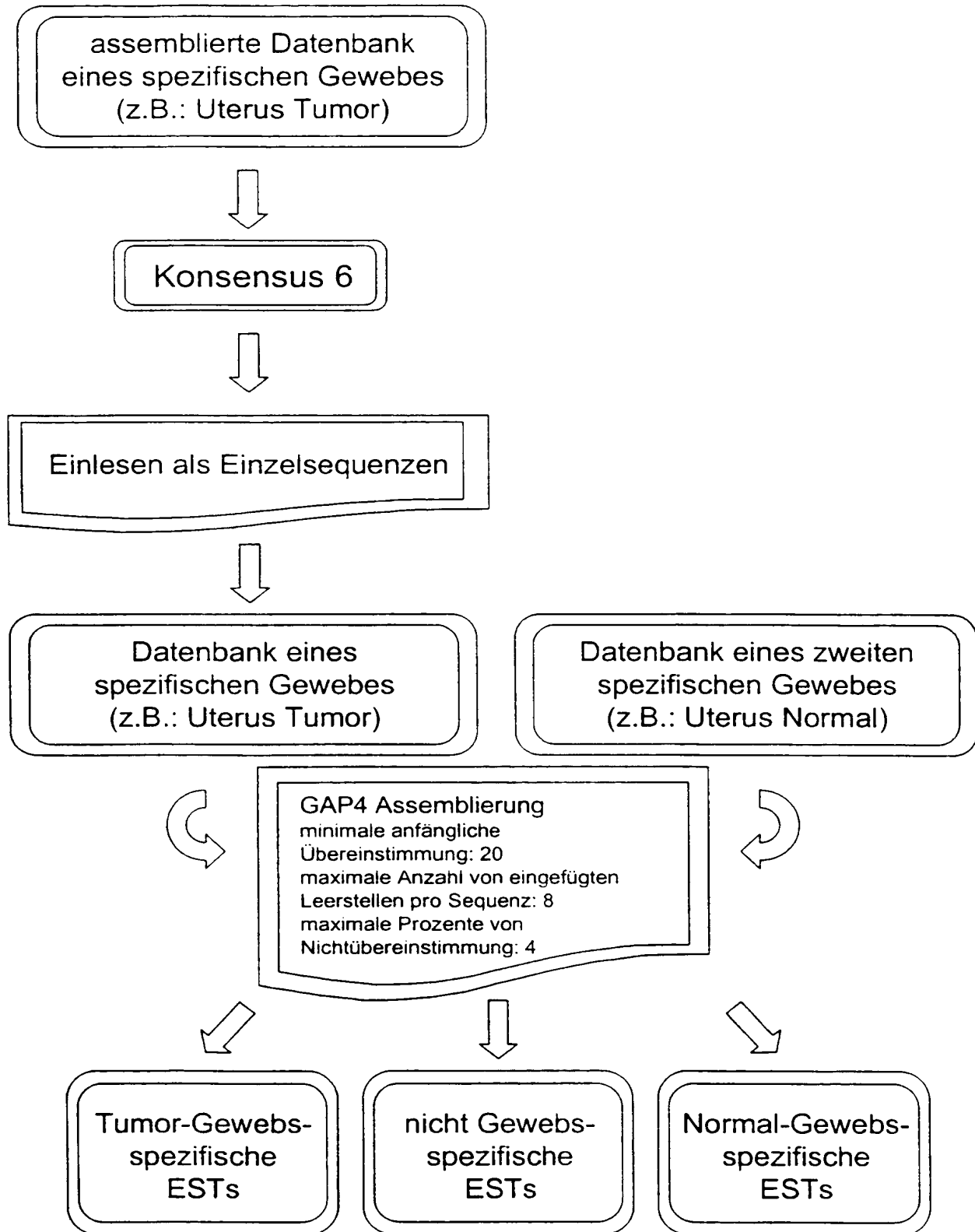


Fig. 2b4



5/10

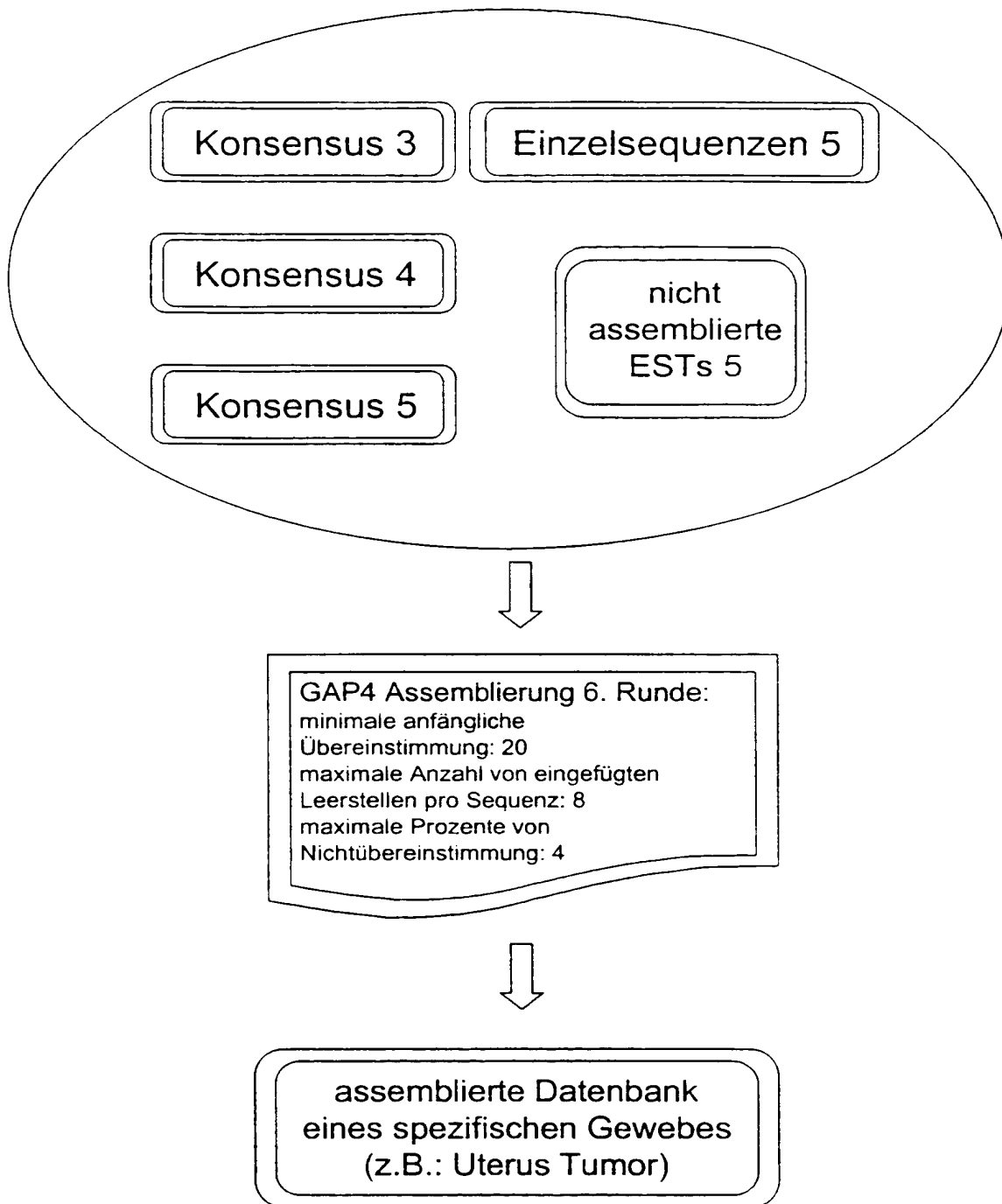


Fig. 2b3



4/10

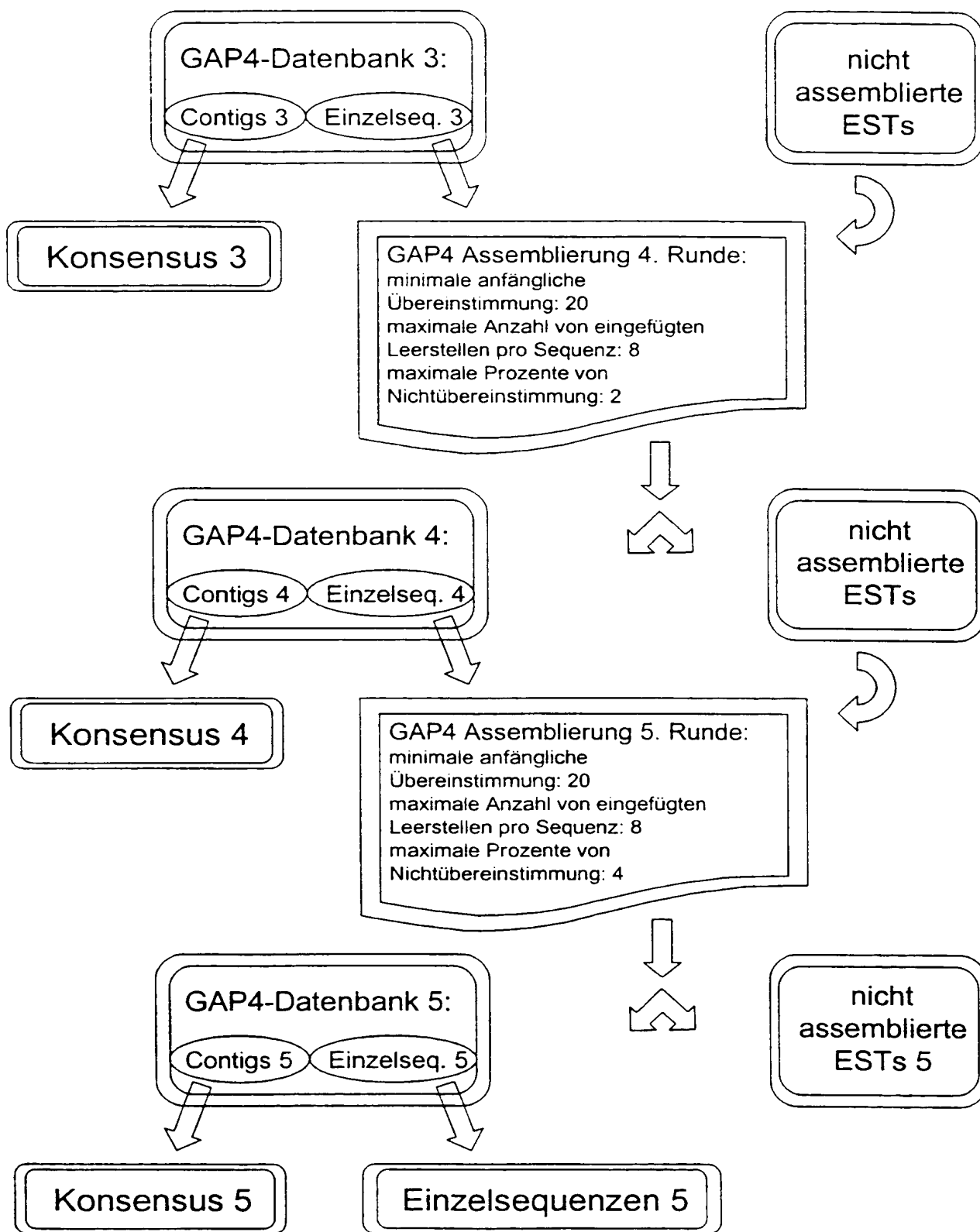


Fig. 2b2





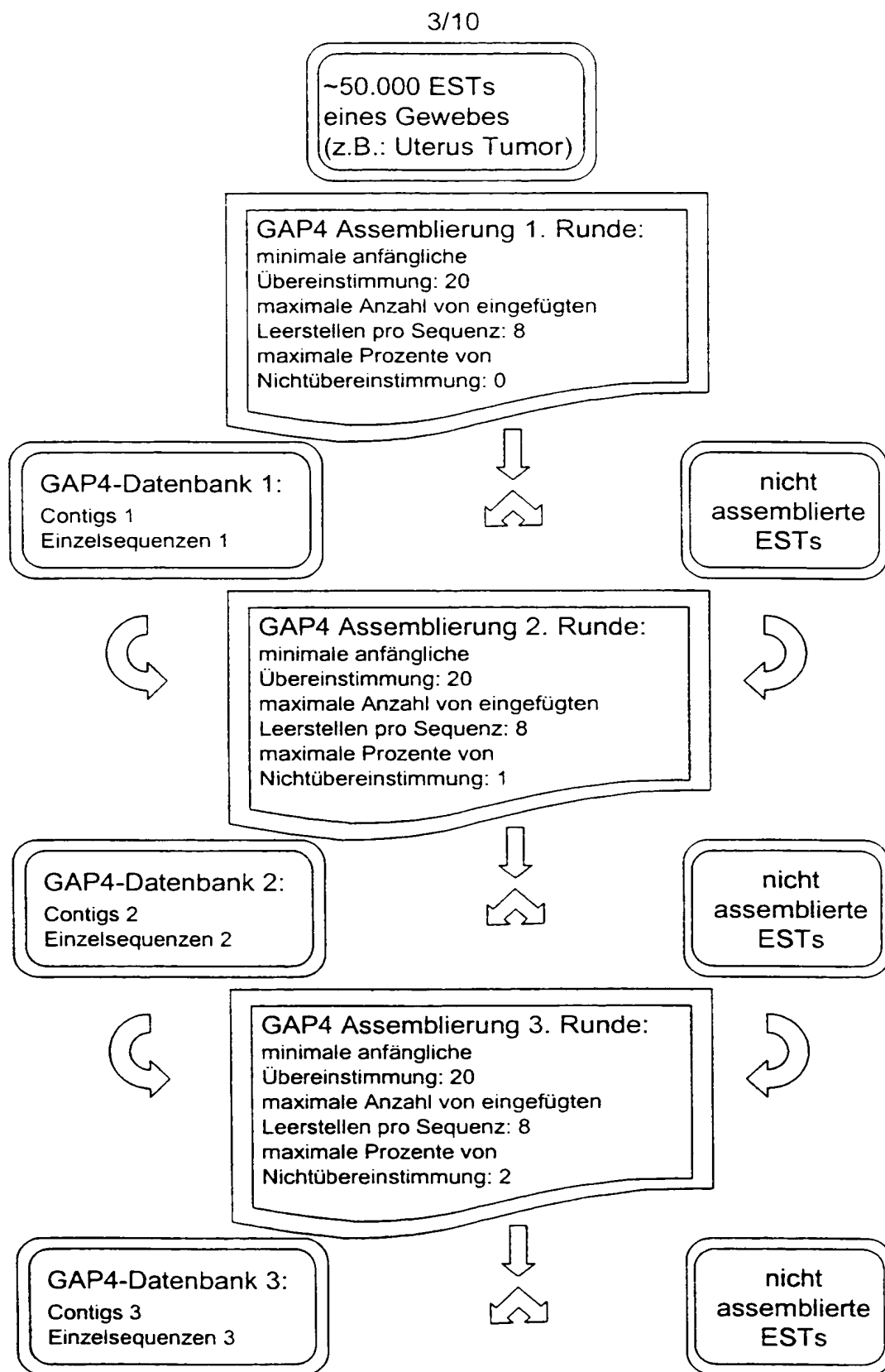


Fig. 2b1



2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

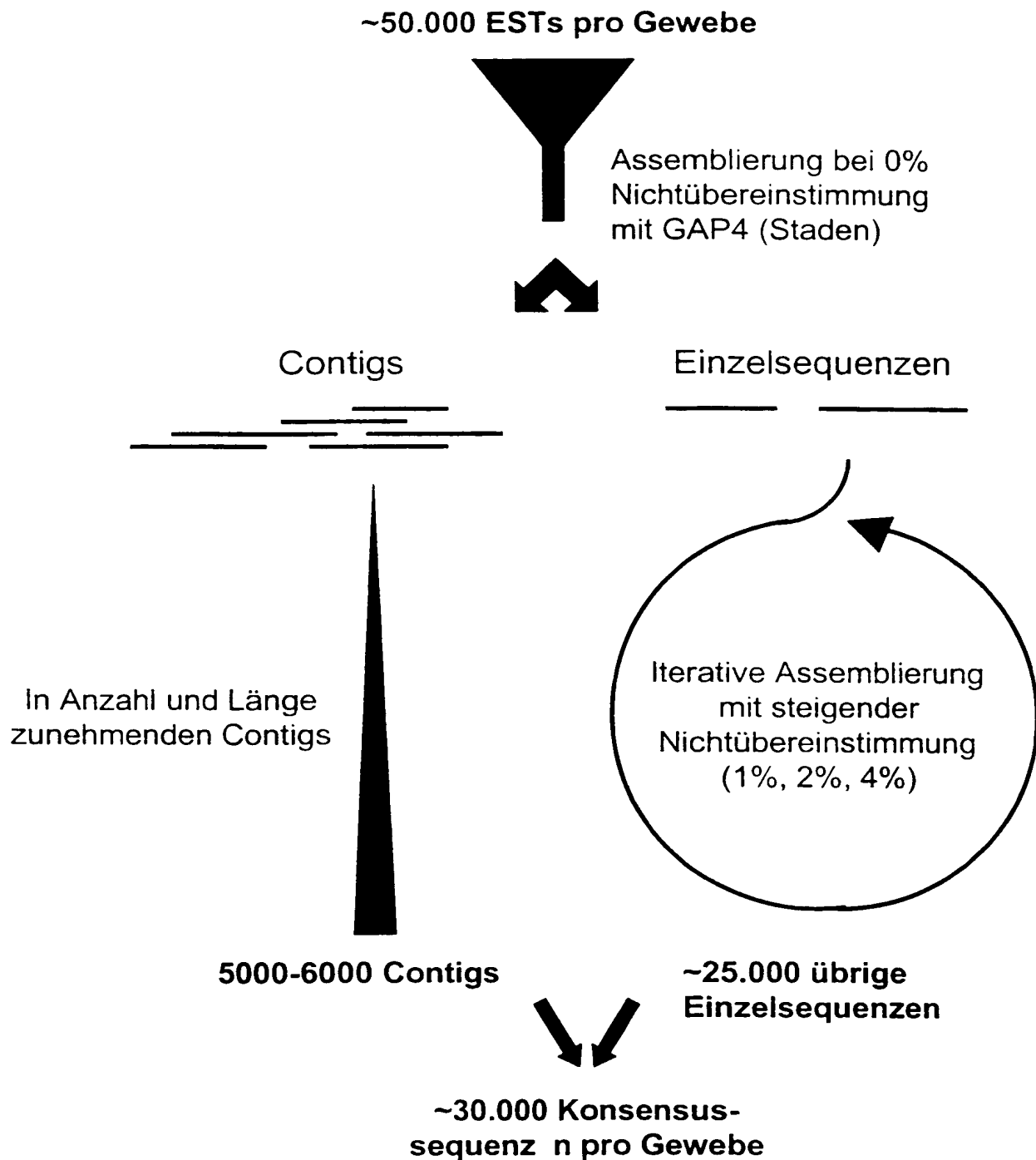


Fig. 2a



## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

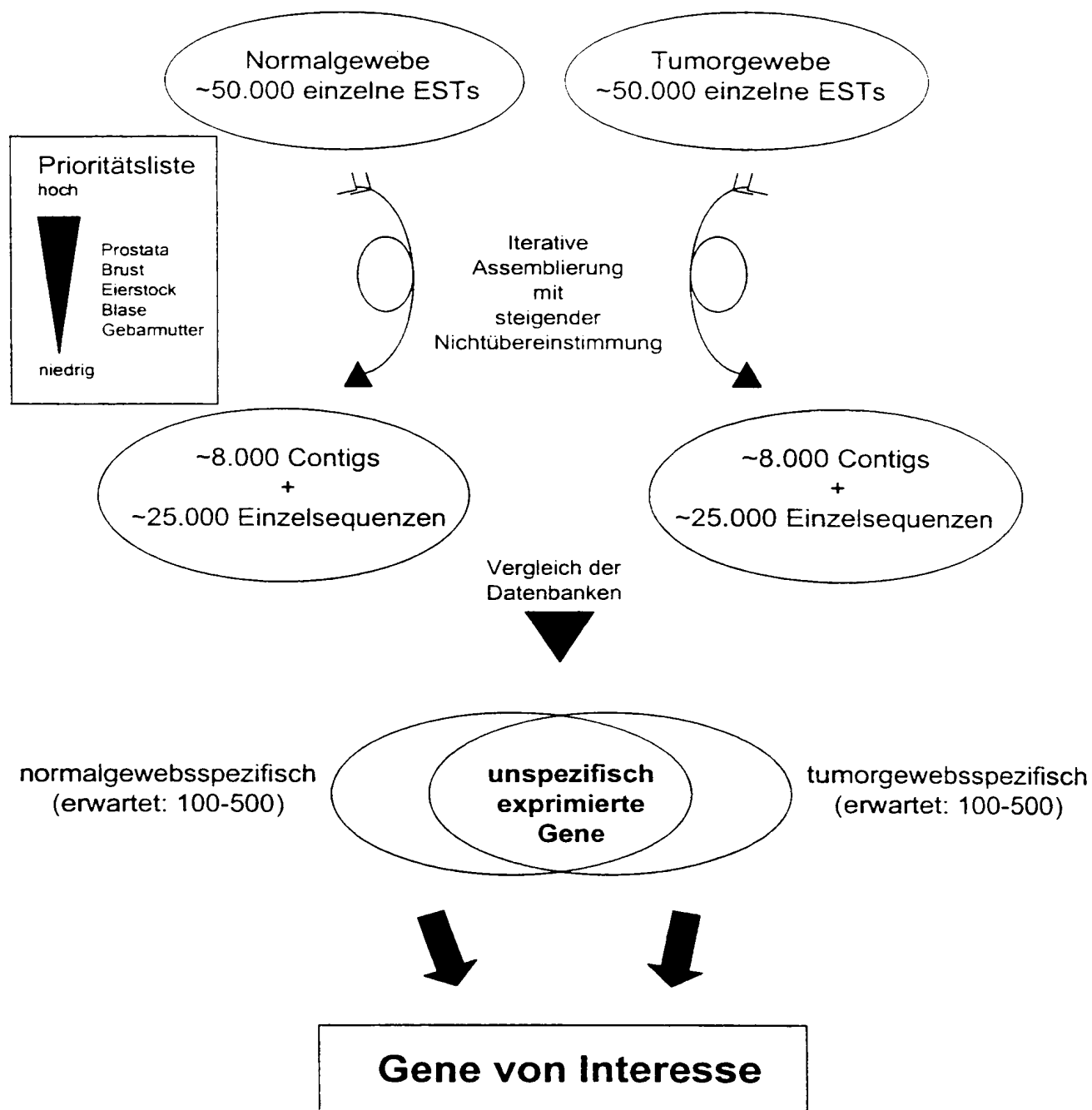


Fig. 1

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.



15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

PQRAAPPPHP	GPQRPPAWRA	VAFPRGWLTP	GCWGWAAAPA	AVAVLLAPVD	GGALGQQVQV	60
GVAVVHDHAV	PVEVVLPLHR	GLLHSLQDVL	HDGLQHLLV	RVFHQDEPGK	VLEDQLLEPG	120
QLRLAGRGQL	LEQERDADLQ	QRLPEEPLPH	RAAVVVVFLQ	HPLQDPLDGL	AQLLLGGPLP	180
QLLVQEGLER	IHGIVHLLPH	VDLGSLLEHG	RAGHIKSLQ	PVQSQRLLHLL	IAALHLQGVV	240
RQPGQLLHVL	AQLVNAALVD	DVQVHVRDLL	EEDISHLSEA	LAGGDHQGLQ	DGWDVGLDMV	300
PHAHLCLGED	EGSDLAGKVL	LGGDNLVHVS	SDDGLHGRLLH	LLHLGQHLLLE	ARLGLLVHHV	360
VHGVRDLPL	PLPLLRFPLO	PRAELCLQLR	AQLLHHQVAQ	DLHLVPTQHL	PGAVQLLGLS	420
VHADGICERR	ALYLGVLKDS	IVAVPDAVLQ	HSLPLVLLGF	CHHAEV		466

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

LCGAAASCMM LGSLAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWL RPIF TQLLA V WLT 60  
TRSSPFPVSR FLQH QANTYT SAL 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 581 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60  
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLK GK PQERQRQW IQ ISDAVYH MVY EQAKARFEEV 120  
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180  
MVPTSQGFTE VRDVFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240  
SLRLDGLQQR FDSSTSVFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300  
RVLERVLK KY DYDSSSVRKR FFREALLOIS IPFLLKKLAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360  
ILVENTYEEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420  
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480  
LRSEACWPKV CGLRAPHQPA PCSTGPPLGR VPSLRPPPRP PRRLPHPSSI SCLERLWTLG 540  
PPSPATRRLE SRCPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

```
TSLLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE WCEALHSFTA ETSDDLSEFKR GDRIQILERL 180
DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAIVPKGQE GQSLI 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

```
CIGFSSGFDK VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPGLGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVLQ KAAHWEWGGA CGKPDCGEKL GENGS 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

```
HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQQGGEEN TSGERTSNLQ EAY 93
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

```
RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DP SHAQK PVD SGAPHAVVLH DFP AEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

```
ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGI LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSVLAGFT 250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

```
EKTPGFEWKL TAESHRPRQQ QRQQOTFGIL FSTHVLIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSH LRYFFPPHLA PVPPFLFSLC KRKYLTYLGP TSIM 104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:



- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

```
QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQKDKDRR KEVKLNERII 60
ATSQGLLIRS VQGSQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVAVVD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQHQQGDDES QKMRGDYGKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

```
FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCSTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDGVS LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFFV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNLSLT LIGKQAWDIP LQ 142
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
DDRSFAFH HH KSVIDAMKGR PGQSPLFRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCVDLQES QGVDHPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
FAKGLDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGRGRGLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPSSL FCPETTGKAL HFEREEKLFG TTPMIFFFVI 120
LEIYFFIILI ADVLFIYLIC IRSLNNRKL 149
```

RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFD TGM TLGQGMSREL

290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60  
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHEPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60  
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

```
LSLTSRMEEA ELVKGRLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVVKQ 240
```

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

KYELYTENAT	TEKTEPNSQE	DKNDGGKSRK	GNIELASSEP	QHFTTTVTRC	SPTVAFVEFP	60
SSPOLKNDVS	EEKDQKKPEN	EMSGKVELVL	SQKVVKPKSP	EPEATLTFFP	LDKMPEANQL	120
HLPNLNSQVD	SPSSEKSPVM	TPFKFWAWDP	EEERRRQEKW	QQEQERLLQE	RYQKEQDKLK	180
EEWEKAQKEV	EEEERRYYEE	ERKIIEDTVV	PFTVSSSSAD	QLSTSSSMTE	GSGTMNKIDL	240
GNCQDEKQDR	RWKKSFGQDD	SDLLLKTRES	DRLEEKGSLT	EGALAHSGNP	VSKGVHEDHQ	300
LDTEAGAPHC	GTNPQLAQDP	SQNQQTSNPT	HSSSEVVKPKT	LPLDKSINHQ	IESPSERRKS	360
ISGKKLCSSC	GLPLGKGAAM	IIETLNLYFH	IQCFCRGICK	GQLGDAVSGT	DVRIRNGLLN	420
CNDCYMRSRS	AGQPTTL					437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 331 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

SANHKLEVNG	TDGLAPVEVE	ELLRQASERN	SKSPTEYHEP	VYANPFYRPT	TPQRETVTPG	60
PNFQERIKIK	TNGLGIGVNE	SIHNMGNGLS	EERGNNFNHI	SPIPPVPHPR	SVIQQAEKEL	120
HTPQKRLMTP	WEESNVMQDK	DAPSPKPRLS	PRETIFGKSE	HQNSSPTCQE	DEEDVRYNIV	180
HSLPPDINDT	EPVTMIFMGY	QQAEDSEEDK	KFLTGYDGII	HAELVVIDDE	EEEDEGEAEK	240
PSYHPIAPHS	QVYQPAKPTP	LPRKRSEASP	HENTNHKSPH	KNSISLKEQE	ESLGSPVHHS	300
PFDAQTTGDG	TEDPSLTALR	MRMAKLGKKV	I			331

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIKFYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPVI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ      114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

```
NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPQCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN      98
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KSAAQTAMTT PPQTPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLPPEATATIH SHCPSALRPS SRADGSMVIL SWVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDSKEGT PIFIKTDIP RGF 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

```
TQTRHFQLAT QSGRAGGNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQP QEWT 84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLKCLLAA QYQSINYPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60  
ACLLDLFPLR GRNEL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSLS HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60  
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATEEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

```
VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHYED FPKLWMMKGQ 60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP 120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSVDALKKC 180
EHDPHVLLAV AKLFWSQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV 240
RKRCESAEPR HGELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGRI KNTF 284
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

```
QPGIKESILM KETQGPYGQG FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR 60
CYAAAPSVPE VAVIP 75
```

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

```
SLCVFPSSAA SFLSFLALVV AATMNKKKKP FLGMPAPLGY VPGLGRGATG FTTRSDIGPA 60
RDANDPVDDR HAPPGKRTVG DQMKKNQAAD DDEDLNDTN YDEFNGYAGS LFSSGPYEKD 120
DEEADAIYAA LDKRMDERRK ERREQREKEE IEKYRMERPK IQQQFSDLKR KLAEVTEEEW 180
LSIPEVG DAR NKRQRNP RYE KLTPVPDSFF AKHLQTGENH TSVDP RQTQF GGLNTPYPGG 240
LNTYPYPGGMT PGLMTPGTVS WT 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELD MR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI K KARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL 120
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR 180
VLRKALEHVP NSVRLWKA AV ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK 240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQW IQDAE 300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP 360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL 420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467
```

ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCACTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTCACG 600  
GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCATTGACA AGCTGGGCGA GTACATGGAG 660  
AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720  
TCGCTGCGAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTTCAAG 780  
CAGCGAGCCC AGATCCACAT GCGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAC GTTCGAGACC 840  
CTCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGCCC ACCAAGGAGG AGCTGTGCAA GTCCATCCAG 900  
CGGGTCCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960  
TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTCC TGCTCAAGAA GCTGGCCCCCT1020  
ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTTT1080  
ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG1140  
CAGGCTGTGA AGGAGGCCGC GGTGCAGAGG AAGACAACC TCTACCGGGA CAGCATGGTC1200  
ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCCAT CGACTGGGGC1260  
GAGGAGTACA GCAACAGCGG CGGGGGCGGC AGCCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA1320  
CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG1380  
TGGGGCTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TGCCTCCCCG GACGGTGTCA1440  
CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TCGGCGCTGA GAGCCCCCA CCAGCCGGCC1500  
CCCTGCTCAA CGGGGCCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT1560  
CCTCGCCGCC TGCCTCACCC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC1620  
CCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG1680  
CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGCAG GGGTGCAGAC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT1740  
CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTTCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG1800  
GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTGGG TGGAGGCGGG GCAGGGCTGT GTGGCACCGC1860  
CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACCTTAT TGGGTTCACT CAACACTTTC TTGCTCCCTG1920  
TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT1980  
GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCTC CCTTCCTGTC CTTCTGTGGC2040  
CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG2100  
AGCCCAAGTGG GTTCCCGCCC ACTCACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGA2160  
GCACTGCTGC CCTCCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTTT2220  
CCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTCA GGCTGGAGCC AGGCTGGGGG2280  
TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGAA2340  
ATGAGAAAGG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCTGAGT GAAGGAGGGG2400  
ACCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA2460  
TGGGGAGCCT GAGGTTTTAT GGGCCTGTGT ATCCCCTTCT CCCGGCCCCA GCCTGCCTCC2520  
CTCCTGCCCG CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTGGGGAT2580  
GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCCGAGGT2640  
CCTCAGTGGT TGCTGGGGA GCCGGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCCC2700  
TCCCTGAGGG TCTGGGGTCA GGCTTTGGCC TCTGCTGCCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC2760  
CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTTGGATG TCCTTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC2820  
GTCCCTCCTC AGCTTCTTGT TCCTGGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG2880  
GATCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCCC TCCCTGCTG CTTTGCGGGG GGCAGGGCAG2940  
AAATGGACTC CTTTGGGTC CCCGAGGTGG GGTCCCCCTC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC3000  
CGTAGACCTG CTCCCCAGAG GAGGGGCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCCTGGCA3060  
CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCCG3120  
AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTGGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT3180  
GAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTAAAGCCA3240  
AAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG 3265

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

```

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
GGCCCCGGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGAAGGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
GTCCTAACTC TCGGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
AGGATCTAGA AGGCACTCTG GGCAGGCCGC GCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCTCTG 240
GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
GCTTACCACA CGCTCCTCCC CATTCCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACC AGGCGAACAC 360
TTACACCACT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCCACCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
TGATCACACA GATTCTACT TGGGCTCTTT CTTTAAATCT TCGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
ACTCAGGTTT AACCACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCCAGGCT GGCGGAGAAT AAAGTGCCAG 660
GGAGAAGAAT GAGAAGACAG GAGACAACT GTTTGGAAAG CTAAATCTTC CCTCTTAATG 720
AATAAGGTT TTTGCCTTGT CTTAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTTGTAAAT ATTAAGTGTT TTGAACCTCT AACATTTACC 840
TTCCCCAAAA ATCGAACCTT CAGGTTTCAA AAAT 874

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

```

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TCGGTTTACA 120
GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
GGGAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCCC TGAGCTGAAG 240
GCAGAGCTCG GCCCGCGGCT GAAGGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
GCAGAGGTGT GCGTGCGGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCATCCT GGAGGCCCTG 540

```

```

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTT TTTGTAATAT AATCAGAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTTGT TTTATTTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTTCC TGCTTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAGT GGTTCCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAAACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTGGAGA AGAGTTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAGTTAAGC AACAAGTGGC2460
CACACTTTTA CGTGACTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTTCA CTCAAAGTA2640
ATTTTCATGAG AAATCAATGA TTAAAGCAT TATCCAAAT AAATTATCAT TTGCAGCAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGGAATGG AACATGAGGT ATATATCTTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGCAAT AGTTGTAAAT CTACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAT CCCTTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTTT TTTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCA3120
GCTAATTTCT GGTATTTTTT TTTCTTTTGT TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTGCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCCT CAGCCTCCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCATC AATATCTTTC3420
CTCTTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

```

3450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

```
CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAAAT AATTACTTGG AGTGCCAAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAAG CCACGCTCAG AAGCCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAC AGATTGGTAC AGAGGGAAC GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTGCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACCTC AGGTAAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTTCA CAGTTTTACA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CCTGCCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGGAGATATA ATAACAGAGC TGAATCTGT1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACTTAT GGGAAAATCT GGAATATTTT CCAAAAAC1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCCCTG GCACAAGAAC1140
TCACTTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTTGC ACTATTTTTT TTAAGTAAA1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTTCT GAAAGCAGAA AACGTTCA1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAGTTG CACGTGGACA TCTGTTTAA TCAGCACAAG1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTTTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTGT ATATTCAAAT1560
TAATTCTTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTCAGATGG1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGTG AAGCACATGG TGAAATCAGC CCCTGCCAC1680
CAAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTG CCATTTGTCT AAGGATTGTA AGGGGTCTA1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCTT GCTAATACAA1800
CTAATCCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTTTCTC AGTGATACT TTATGTTAAC1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTTCTGAATC TGCAATCAT CTTTGACAA TTACTGGACC1920
CAAAGGAAAA TTCATTTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAACTG TGTCTTGTTA1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAAT CTTACAATAC AGAACAACTG TTAAGATGGA2040
```

TTCCAACGTT CCCCTTGCGT AAAATGTCCT GGCAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60  
CCTGTTGTAC TGGAGTTTTT CTCCCCTGTG AAAACGTAAC TTACTGTTGG GAGTGAATTG 120  
AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAATT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180  
TCACTCTTGA GAAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAAC TCACTTTTTT 240  
TGCCTGGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTAA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300  
AAAGAGACAG ACTATTAAC CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTTGTT 360  
AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG AATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420  
CACACACACA CTTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTTT AAAATGCAGA ACTAACTGAG 480  
GCATTTTCAGT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAAT GTATGGAAAC ATTTTGTGCC 540  
CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600  
TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTACA 660  
AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTT AATAGGATGG 720  
AGCTGTTAAT TATTTTCCAA AGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTTCAATAA AAAGTGGGCC 780  
ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCTTCT AGGTTTTTGC CAACTGCCT 840  
ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTTTCAGAG AAATGATTTT 900  
CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTTCTGGGA GTTTAGCAAG 960  
TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGGTTAAAA 1020  
AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG 1080  
CTTGGTTGAA ACTGAGTTTT GTCATCTTCC ATATTTGCAG GAAGGTATTT TCTGACTTGC 1140  
AATGCAGCTA GATGTAAAT TTTATTTTAT CATACTAGAA AGCCTTGACT AGAAAAATGA 1200  
ATAAATATTG AGGGTTTCCT GTCCATATCT GGCTTGCATG TGCCAGAAAG CAGAGAATAG 1260  
AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCCAAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT 1320  
TTTGACATG AAGTTTGGTG CATCTTGGT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC 1380  
TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCACGTATC GAACACTTGC TTCGCACAAG 1440  
GCTCTTTAGT TAACAATTTA GCAGCTACTG TTTGTGTTAA ACACACTTTT CACCAAATAG 1500  
GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA 1560  
CATCCCAAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTTGAATGG 1620  
AAACTTACAG CAGAGAGTCA CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA 1680  
ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTCTAGT AGAGAACTA 1740  
CAAATCAGCC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTTGCAAG TTACTTGTTT 1800  
TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCTTG TTCTCTCCTT CCTCTTCTCC 1860  
CTTTGCAAGA GGAAATATTT AACATATTTG GGTCCAACCT CAATAATGTA ATAATTAATA 1920  
CATTAAAAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA 1980  
AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGGA GACAAGCAAT CTGAATAAAT ATTTGCCAAA 2040  
AGTTCTTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA 2100  
ACTAGCAACT CATCTTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT 2160  
AAATCCATTT GTAAGCATTT ATCCCATATA TTTTAAATTC AAGAAAAATT GTGTTTATCT 2220  
TTAGAATTTT GTATTCAATA CTTTATGTAC TATGTGACTC ATGCTTCTGG ATAAATAAAG 2280  
CACCAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA 2340  
CAGCCAAAAA AAAAAAAAAA AAACACAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG 2400  
GGGGGGGAGG T 2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



```

AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAG ATGAAGGTAA GTAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCATCAT GACATCACAA CCTGTTCCCA ATGAGACCAT CATAGTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAAGCA GAGAAACCCG AACCACACCA CCAGGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGA CT TCTAC ACTGTTGAAC TCTGCTTACC CATT CATAGG ACCCTTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATCGCC ACAGAGAAAA GGTTAAACCA GCTTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTT CATTATC CTGTCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTC ACTTTA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT 1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTA CTCTGAC TTCCCTGGGG 1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTA TCTTATCCCT GCACTGTGTT 1140
GAGTATGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAGCCAA TCACGAGATA CACATGGGAG 1200
GGCATT TGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA 1260
AGCTGAAAAAT TCACTGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT 1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT 1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCTCCC TTATAAGCAG 1440
AAACAATTTT TGCCACAACC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGA AAGGGCATT 1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCTG GTGATCTTAA 1560
AATTCGTTTG CCTTTT TAAA GCTATATTAA AAATGTATTG TTGAATCAA AAAAAAAGG 1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGGCCG TTTAGGGGGG GCCGGTTT 1679

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```
TTTTTTCGGG AGGCAGAGTC TCCCTTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTCG 60
GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATTG 120
TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGGAC TACAGGTGTG CACCACCACG CCCGGCTAAT 180
TTTTGTATTT TTAGTAGAGA CGGGGTTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
CCTCGTGATC CNGCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
ATGCCCAGCC ACTTAGTTTT TTCTTATTCC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTTT 360
TATCTTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCCGNAGA TNGGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGGN TGACATTTTT CTGNCTGNCC CNATTTGTGT 540
CCTGGNNNAG ACNGGTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCTTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCTN AATGATTTCC 720
CTTTGNAAAC TACTTTATTT TACTAATTTA AACTATTTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
ANGTTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTCC NATGGAATAA ATGTTGGAAA GCTGATCTTT 840
TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANNAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```
GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGGA 60
TTAGAAAAC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120
```

```

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
AGCAGTTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTTG1320
GAAGTTATTT AATTTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCCTACTC AGTTATTACT1380
GTTTGTCTC TTATCCCTA GTCTGTGTGG CAAATTAAC AATATAAGAA GGAAAAATTT1440
GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAAC1500
TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTTCAACTT CAGTACTCAA1560
ATTCAATGAT TCTTCCTTTT ATTAACCA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTTGTTAT GTCTAGAAAG1680
TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTTTG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTT ATACTGAAAT TATTTTCTCC AAATAAAAAAT1860
TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTTAA AAACACTACT1920
TTTGCTTTTT TATTTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTTT AAGTATTGCA GTCTAAAAC TCAAAAAC2100
AAATCATTGT CAAAATTAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACTATTT2160
AAACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGCAAAA ATAGTTAAAA2220
TGCTGACATA ACACCAAAC TCATTTTTTA AAAAATCTGT TGTTCCAAAT GTGTATAATT2280
TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTTGCC TGCTTAAAAG GTATAATTAA2340
ACTTCTTTTC TCTTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAAGCC AAAACCATCT2400
TCTGTGTTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAGGTAA AATTGTTTCA GAGTCACAGT2460
TCCCTTTATT TCACATAAGC CCAAACCTGAT AGACAGTAAC GGTGTTTAGT TTTATACTAT2520
ATTTGTGCTA TTAAATTCTT TCTATTTTCA CAATTATTAA ATTGTGTACA CTTTCATTAC2580
TTTTAAAAAT GTAGAAATTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAA GAAAATTTTT2640
TTTCAAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTTATTT TATGTAGCTT2700
GACAATTCAG TGAATTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAATTT TCTAGAAATA2760
CACTTTTTTC CAAAGTGTA GTTTGTGAAT AGATTTTAGC ATGATGAAAC TGTCATAATG2820
GTGAATGTTT AATCTGTGTA AGAAAACAAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTTAAT2880
TGGATATTGA TGAAATCATT GGCCTGGCAA AATAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
NCTTTNAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAAT GAGGCAA

```

2987

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580  
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640  
CCCACCTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700  
AAGTTAAAGA AAACCTCAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAT CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60  
GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120  
AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180  
TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTTCAGGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240  
ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300  
TAGATTTCAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360  
CTGTGAGGGC TTTACCCCTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTCAGC CACTCAGAAA 420  
TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480  
CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CCGAAAAGTA 540  
GAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600  
ATTAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAACTTG TGCTTTACCA 660  
AGGGGAATTA CTGAAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720  
CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGACTAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780  
ATAAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTTA TTTATATCTT TATTCACCTT TTCTTCAAAA 840  
TCGATATGGT GGCTGCAAAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900  
CCTGTGGTAT TCCTTTCTCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTCAGT GATTTTGTAT 960  
ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAT GCATATGACA1020  
GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT TAAAGTTGTAT AAAAACACGA1080  
GTTATTCATA AAGAGAAAAT GATGAGTTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140  
TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

```
GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
AGGGGCAGAG GCCCCTGAG CCACCCCTTG CTTCCAGAG TGAAACCTTG TGCCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
GGCCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTCACG GCGGGCTGTG 780
CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCAAGTC1080
CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTTCCT AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260
AAGTGAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CTTTGAACC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGTTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CTTGTTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGCCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTTCATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGAGAG TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTGTT2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCCT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
```

```
AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTTT GTTTCGTTTT TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
GAAGACGCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
ACACACCTTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
GGGAGAGGGA AGTATTTTGC CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
CAGGGCCCCCT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCCTGGAGC 600
TGCTGGCTTT TGCACCTTTTT TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTTGCCCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACTTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
TCTTGAGACA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGGAAGAGT 900
GGACTTTGTC CTGGCCTTCC CTTTCATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAGACA 960
TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTTGGTTTT TCCTCATTGC CTCAAACCCT GGGGTAGGTG1020
GGACGGGGGG TCTCGTGCCC AGATGAAACC ATTTGGAAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
AATGACCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAGG TCACTTTTCT TTCCTGCCTT1140
CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCTCCAG CTCAAGGGAC AGGTCCTGGG TGAGGGTGGG1200
AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTTG TTTTTTGGGA1260
AGAGCTTTTA AAGATGCAT GTTTTTTTCC TGGTTGGAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCATTCA AGCCCTCCCC1380
GCCCCGTTGA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATCCCCG1440
TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTGAGTCT CATCAGAATA1500
TGTGGGTAGG GGGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAAGTTGGT TGTATTTTTC1560
GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTTGCT CTTGAGAATA GTTTCTCGTG TCCCCCTCGC1620
AGGCCTCATT CTTTGAACAT CAACTCTGAA GTTTGATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
GGTCCCCTCT CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAAGC CTTGGTCTAA1740
CACGGGACTT TTAGTTTGCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCCTACTTT GCAAGCCAGT GACCTGCCTT1860
TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCCGGGGGC GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTCTC CACCCACAA AATAACGGGG ACCAATATTT1980
TTAACTTTGC CTATTTGTTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
CGGGCAAAGC TCTTCATTTT GAGAGAGAAG AAAAACTGTT TGAACACCA CCAATGATAT2100
TTTTCTTTGT AATACTTGAA ATTTATTTTT TTATTATTTT GATAGCAGAT GTGCTATTTA2160
TTTATTTAAT ATGTATAAGG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTCATTG2220
TTAATTGGTT TGGGAGCCTC CTATGTGTGA CTTATGACTT CTCTGTGTTT TGTGTATTTG2280
TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTTT CAAACAGGAG ATGCCTTTCA2340
GAAATTTGTA TATTTTGCAG TTGCCAGACC AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
AAAAAAAAA CTCGAG
```

2416

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
CACTTTTCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTT ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
GAGCTTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCGGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTTGGCA AGCTCAGTTG 540
CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTTG TAGAGGACCT TTTTGGGGTC CTATATGAGC 660
CATGTCCTCA AAGCTTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCAGTAC ATGACCACTG 720
TCATCCTAGA AGGCTTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCGCCACA AAGGTTGGGT 780
CCATCTTCTC TCCGAGGTTG TGAAAGTTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
TTGGCTGTGG GCTTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTTCTAGAT CTCTCCCAGT GAGGCATGGA 900
GGTGTCTCTG AATTTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTTGAAAA GGTCAAAAAA 960
TGATGGCCCC TTGAGCTCTT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
TTCTTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAGGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
GCTAAATTTT AAAGGAAATG GACCCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAGTAT GTCTGCATCG1260
ATGTCGTGAC TGTAATTTT TAATTTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAAT1320
TTTGTATTAA AGGAAAATAA AGTTTGTGTT GTTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1380
AAAAAAAAA

```

1388

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

```

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCTCTGG GTTTCCTAGG 60
AATGTCCAGC CTCGGAGACC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

```

```

TCACAGGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGCG CACTATCACC ATCCTCATCA ACAAGCCAGA 300
GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTTG GATGGTGGGG ACAGACTGGT 360
GCTCCCCCTGC AACCAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGGG CTGGAGGTGT CCGTGTCTGC 420
CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTCATCC TCATCCACCT 480
CTACAAAAAG CCGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
GGGCCTTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
CACAGAAGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTCC TTCAGGTGGG 660
AGAGGGGCCT GAGGCCGTCC TAACAGTGAA AGGCCACCAA GTCCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
CAAACCTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CCTGGCATCC CATCCATTTG ACACAGGGAT 840
GACACTTGGC CAGGGAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTTCATGGCT TGTACACGCC 960
TCAGCTCCTG GCAATTAGCT GGACTCCATG ACCCACCCTT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
TCTGTCTGGG CGAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGAAG CCTGAGTGCA AATGTCATTT1080
CCCTCTACTG CCTCTTCCTG CCTCTCCCCA CCCTGCCCAC ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
GGTCATAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCAA CCTGCTTTTC TGTTCTGTTA1200
GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGAA GGAAGGTTGC TATGAAACTT TTTTCTTGG1260
TGGAAATGGC CAAGTTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
CTTTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAAT AGCCCATACA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
TTCATTAATA AGAAATTTGA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGGAAAAAAA ATTGTTTT 1558

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

```

CGGGGTTTAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACTCCTG ACCTCATGAT CTGCCCCGCT 60
CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
TCTTAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

```



```

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAA 1320
CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAAAC 1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA 1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC 1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGAATCCTTG 1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC 1620
CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA 1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA 1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA 1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA 1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA 1920
GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA 1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA 2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC 2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT 2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA 2220
ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG 2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAAGC 2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTTCAGT TACTTGACAC GATTCAGTGG GGGAAAACCA 2400
GCATTTTTC TTTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT 2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC 2520
AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA 2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA 2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACTTTGTT GTGGATTTCC CCCTGAGCA 120
ACTCACCGTG TGCTTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

```

```

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
GTGGGCCAGT GTTCTATATC GGTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAAATG4140
CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTTATA4200
GTAAATGTAC ATTTATAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA 4242

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```

CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
CCCCGCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
ACCAGATCCA GGTTCAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTAAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
TATATGCCAT GGAATTTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260

```

ACAGGAACAG GAACGTTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600  
AGAGTGGGAA AAGGCCCAAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 660  
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTTCC ATTTACTGTT TCTTCAAGTT CCGCTGACCA 720  
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGACTGAAGG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780  
AAACTGTCAA GATGAAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCCAGG GAGATGACAG 840  
TGACTTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900  
AGGGGCCTTG GCTCATTCTG GGAACCCTGT ATCAAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960  
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020  
CCAGAATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAAACCCT1080  
CCCGCTGGAT AAAAGCATTAA ACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAAGGC GGAAGTCTAT1140  
AAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCCTGTGG GCTTCCTTTG GGTAAAGGAG CTGCAATGAT1200  
CATCGAGACC CTCAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTGGAA TTTGTAAAGG1260  
CCAGCTTGGG GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAAGTGA1320  
TAATGATTGC TACATGCGAT CCAGAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCTT1380  
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTTAAC1440  
AAAATCCCAA GCTCAGGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500  
GGTGGTATCT GTTCTTTCGT AGCACAGTGT TTATGTTTTT CCTGTTTATT GTTTTGGGTT1560  
TTTGTTTTTT TTTTTCGATT TGCACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGGTT GTAATGATCC1620  
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGGTTTAA AATGTGTTAT1680  
TCTCTTCTTT GGAATTAGC TAAATGATGC AATAAACCTG TTTTGTTTTA GAATGTCTAG1740  
GAATTAACA CTTTATGTTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTTG1800  
AGACACACGG TCTTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTCAGAAA CTAACATCA1860  
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTTG TTTTAAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920  
ATATACTGTA ATCCTGAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980  
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGTACCTTGG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040  
GCTGGTTCAT CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTTACAC TCCGGGACGT2100  
TGCCCAAAGG TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTTTCAGT CATCATTTCC AAAGTCATTA2160  
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCCA AAGAGTCAAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220  
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280  
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCTTGC2340  
TGGCAAGTTC TCCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400  
TTAATAGAAT CTATGTGGTA TATGATGTGG TCAGCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAACC2460  
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCTCC ATTCTCCATC2520  
ACTTTTTTTG CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTTAGA GAGGAACTCT2580  
TGTGGAGAGC TGGTTTATTT TCTGCCCTGT GCGACGAGTT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640  
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTTGT TTTTGTGT2700  
TAAGACTGGG GAAAGGGGGA CTATTTATTC TGCCTTAAAT CAATGGCAA TAAGTCAAGA2760  
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCCTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820  
GGGGTCAAGT AGATGTTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880  
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTCTTTG CATGTGGGTT CCATATAGGT2940  
GCAGAAATTT CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTTG GATGAGCTGT3000  
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTTCA TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060  
GTTGCACATG GCGATAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTTCCAA3120  
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTGC TGTTTACAG GAAAAAATAA AAATAAAAAA3180  
AGAAAAAATA GAGAAAAAAT TAAATTCAAA AATTGTTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240  
AATATTTTGA TTATCCACCT GCATGTTTTA TTAAATATTT TGATAATGTG GATGTTTACA3300  
CTTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360  
CATAACCGAT TTTTATAGAA TACTTTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420  
ACATGAATAT TGCACATTCC CTCTGGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480  
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAAG AAAAATAAAG CCCCATCTC3540  
CAACTGCAAA ATGTGCTTTC CCATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCCAA3600  
CATTTTCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTTATAT TTGATTTATA TTTCATTTGG3660  
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTTGTTC TTTCCAATGC AGCATAATGA3720  
GTATGATCTA TTTCTTTTCA AATAATCTTT GAGATCCCAG GAAAAAATAA ATGCTCTGCT3780  
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTTGTG TAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGATTT3840  
ATTGTTCTG AGGAAGTATA TCTGATTTTT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900  
CTTTAATAAA AATAATGGGT AACTTTTTTG TTTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTTCC3960

```

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1860
GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACTAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAACGTCT1920
CATTCGTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAAAGTACC GTTTTTCATA TTATTTCCCC1980
ACCTCCTACT TTTTTTGTTC TTTTTTGCTA CTTGTAAAAA AACCCCTTCT AGAAAATAAG2040
CATTAACTGG AATGTTTCAA ACAATTTTGC TTCATTTTAC TATCAGCCAC TAGTGAAGTC2100
TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGTGCTA AGTGTTTTAA AAACATTGTT2160
TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACTGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCTT2220
TAAAAAACAA GAGTCAAGGC TCACACCAAC TTGTAGGCTG TGGGAGCTTT GCCATAGGTA2280
GATACAATGT AGAAGTATAC TTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAC TCATTATAAT2340
GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATTTAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGTT2400
ACAATTTTTC TCGCAGCTTT GTTGCTATTA TTTTCTTCTG CATAAATGTA TGCTCATTTT2460
ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAGA2520
TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGGA2580
TGTTTTTGT CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTTT TCATTTACAT2700
GTTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAAAAAA ATTCATAGAT TTCATTTAAA2760
CAAAAAAAA

```

2770

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
CAAGAATGAT GGTGGAAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCACA 180
GCATTTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCCTC 240
CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAAC CAGAAAATGA 300
AATGAGTGGA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
ACCCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTTCT GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGATTG TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
ACCTTTTAAG TTCTGGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

```

ESTs durch Assemblierung und Editierung

: SEQ ID NO: 165

```
CAC TCTATGCTTA GAGTTTTGGC ACCAATGCTG 60
AAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
CAG ATGCTTTCTT TCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
AAG GTTTTTACAG ATACCCACCT TAGTTGTAAA 240
TTA AATGAAAATG TGGAAATGTTA AGTTACAAAA 300
AGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TCC TGCAAAGGGC TGTGAACTAT CTTGGTGAAC 420
TTT CTTGTCACTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
ATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
TTC AAGTTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAA CTTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
GGT GTGGATTGGC CTGCTTTGAC TCTCAGCCAC 720
CTC AGCTAAAAGT AATTTTGTTA TAAACACAAA 780
TCC TATTTTTGTA CATTACCAA AGTTTTTCAT 840
TGA TTTAATCCAC TCAAGTTTAG ACCAGTTAAA 900
GTG ATGCCTTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
CTG TTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTGC1020
ATA TACACTTTAC ATTTGTATAA ATTATGCAGG1080
ACC TCTCACAAG TTGAGATTTG ATCCAAAGAG1140
CTT ATTATCTTTT AAGGTTTTTT TTTTTTTTTG1200
CCA GGCTGGTCTC AAACCTCTGG CCACAAGTGA1260
TGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC1320
TTC TACACCTTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG1380
TCT ATATGTAAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT1440
AAA ACATACATTT CTCCAGTTGG TTTGCTCTTT1500
AGA GAAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCCT1560
AGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT1620
TTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTC TCACAAGAGA1680
CTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA1740
ATA TTTTATAGAT GGTAAAGTTG AGAATTAATT1800
```

ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAAA

1107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

GTGAATATGT	GTGTATATGT	GTGTGTATGT	GTGTGTGGGG	TTTGGGGTAG	AAGGGAGGGA	60
GGGGGCAGGA	CAGTGTGGAA	TCTCTAGGGT	GTATGGGTAG	GTAGGGGGCA	CAGTTAGTTC	120
TAAGTGGGCT	TTTATGCTAA	AAGCCTCTGG	GGATATCTGT	TTTGAAAATA	AAGATAGGTG	180
TCCCCTCCTT	GCTGTCATCT	AGCCCAGACA	CTCTGCTTGC	TCTCTGGCTG	TCTGCTCCCT	240
GGGAAGGCTT	TAGGAGGACC	ACCCAGGACA	GGATGACCAT	GCTGCCATCT	GCTCTGGAGC	300
TGGGTCTCAG	TGCAGAGGGA	CAGTGACTGT	GGATGGTTGC	AGTCTCTGGT	GGGAGGTGAG	360
GATAGAAGTG	ATAAAGAGCT	AAGAGGAGCT	TCTGGGAGCC	TTGGAGGAGG	TCAGTCTTGC	420
AGTGGTGAAG	CCAGGACATA	GGAGATGGAG	CAGGGCTGTG	AGAGGAGGAG	ATTCTGAGGA	480
GGATGCAGGG	GAAATCTTGT	CTGTTAATGA	AATAGGGGTG	GGGTGGGGTT	TGGGGTGGGG	540
TGGTCATTGC	CGTTTGAGCT	GCTGATTTTC	ATGAGTCGCC	TTCAAAACTC	TCGTGTAGGG	600
TTGACAATGT	GGGGGGGTGG	GGGATCCAGC	TTATTCTTTT	ATTTTCAAGT	CCATTCTTGG	660
GGCTGGTGGG	GAGGCAGGAG	AATACCCCTC	CCTAAGCCCT	TAGTGTGTGC	CGAGCTTGCT	720
TTGTGATGTT	GGCAGGGGAG	GGGAGACCTG	GGTGGTGA	GAGTTCCCTT	TATCAAACCC	780
TTCAATGGGC	ACAAAATTGA	GTGCTTGATT	TTAGGTTTTA	TTTTTTTATG	AATGTCCAAA	840
TCTGTGTTTC	CCCCTGCCCT	CCCAGACTGT	GTGGCCAGTT	GAAAGTGTCT	GGTTTGTGTT	900
CATCTCTCCC	TCATTTCTGG	AGCAGGGCCT	GAGACCCTGC	CACATCTCCT	ATGCTCTGCA	960
TCCACGCCTC	TTTTGGACAT	TAAAGGTTGA	TTGATGCAAA	AAAAAAATAC	AACGGGGTGG	1020
CTTGGGGAAG	CCTGGGGTTG	GCCGGCTTAT	GGGGTTGCGG	CG		1062

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA1680
AGAATGGATG TGGTTCTTCT TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAACAAAG1740
ACCATAAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG1800
AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC1860
TTATTTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA1920
AATCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT1980
AGTAGGC

```

1987

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCCC AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAACTGCGC 120
CCCGGTGAAG AGAAGCTCGC CCATCACCGG CTGGGAGCCA GCTTTCAGTG AAGATGGCAG 180
GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCCCTACCC ATCGTTATCA 240
CTCTTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCGACTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
TGCACTGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGCCA CCTCCTGTTA CCTGCAGCAG CTCCTCGATG 600
CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCCAAGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCTTGG AAGCTTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCCAACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
TTGGCCAAAG GAGAACCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCCTGC CCAAGGCAGC 900
TTAGCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCCCTA 960
GCAATCCGGC CTCGCAGGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCATCCCG1020
GAACATTCTT GAGTGAATTC GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA1080

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAATT AGCTCCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACGCGCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCTCC CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCAGGTCCA CACTCACATT AAATAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAAATTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCCAAG TAGCTTGGAA 240
GTTTTTGTGC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAAACACTT TCATAGCCTC 360
ATTCATTAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCACTTTT CTTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAG GCCATCTTTT 540
TGCTTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGTAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAAA 660
GGGAAGTTTT CTTTCTTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTTGTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTC TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCTA CTATCCTTGT CTTATTCATC 840
AAGCAGATAT TTTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGCAGC 900
CCAATACCAG AGCATAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTTGT TCCCTCTGAG 1020
GGGCAGGAAT GAACTGTAGA AATGTTTTAA GGACCCAGAA ACCCCATATG TCTCATTCCA 1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTAA 1140
AATGTTTCACT CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA 1200
GGGCCTTATG GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC 1260
CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT 1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT 1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG 1440
ATTCATCCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG 1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG 1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG 1620
```



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

GCGGGTGACG	CGACGACGGC	TCGACACTTT	GCTACGGAGT	GCATCGGACG	TCGAAGCCTA	60
GAGTCTCTGC	GTCTTTCCCT	CTTCCGCTGC	CTCATTCCTT	TCCTTCCTAG	CCTTGGTCGT	120
CGCCGCCACC	ATGAACAAGA	AGAAGAAACC	GTTCTAGGG	ATGCCCGCGC	CCCTCGGCTA	180
CGTGCCGGGG	CTGGGCCGGG	GCGCCACTGG	CTTACCACG	CGGTCAGACA	TTGGGCCCCG	240
CCGTGATGCA	AATGACCCTG	TGGATGATCG	CCATGCACCC	CCAGGCAAGA	GAACCGTTGG	300
GGACCAGATG	AAGAAAAATC	AGGCTGCTGA	CGATGACGAC	GAGGATCTAA	ATGACACCAA	360
TTACGATGAG	TTTAATGGCT	ATGCTGGGAG	CCTCTTCTCA	AGTGGACCCT	ACGAGAAAGA	420
TGATGAGGAA	GCAGATGCTA	TCTATGCAGC	CCTGGATAAA	AGGATGGATG	AAAGAAGAAA	480
AGAAAGACGG	GAGCAAAGGG	AGAAAGAAGA	AATAGAGAAA	TATCGTATGG	AACGCCCCAA	540
AATCCAACAG	CAGTTCTCAG	ACCTCAAGAG	GAAGTTGGCA	GAAGTCACAG	AAGAAGAGTG	600
GCTGAGCATC	CCCAGGTTG	GCGATGCCAG	AAATAAACGT	CAGCGGAACC	CACGCTATGA	660
GAAGCTGACC	CCTGTTCTCTG	ACAGTTTCTT	TGCCAAACAT	TTACAGACCG	GAGAGAACCA	720
TACCTCAGTG	GATCCCCGAC	AAACTCAATT	TGGAGGTCTT	AACACACCCT	ATCCAGGTGG	780
ACTAAACACT	CCATACCCAG	GTGGAATGAC	GCCAGGACTG	ATGACACCTG	GCACAGTGAG	840
CTGGACATGA	GGAAGATTGG	CCAAGCGAGG	AACACTCTGA	TGGACATGAG	GCTGAGCCAG	900
GTGTCTGACT	CCGTGAGTGG	ACAGACCGTC	GTTGACCCCA	AAGGCTACCT	GACGGATTTA	960
AATTCCATGA	TCCCGACACA	CGGAGGAGAC	ATCAATGATA	TCAAGAAGGC	GCGACTGCTC	1020
CTCAAGTCTG	TTCGGGAGAC	GAACCCTCAT	CACCCGCCAG	CCTGGATTGC	ATCAGCCCCG	1080
CTGGAAGAAG	TCACTGGGAA	GCTACAAGTA	GCTCGGAACC	TTATCATGAA	GGGGACGGAG	1140
ATGTGCCCCA	AGAGTGAAGA	TGTCTGGCTG	GAAGCAGCCA	GGTTGCAGCC	TGGGGACACA	1200
GCCAAGGCCG	TGGTAGCCCA	AGCTGTCCGT	CATCTCCCAC	AGTCTGTCAG	GATTTACATC	1260
AGAGCCGCAG	AGCTGGAAAC	GGACATTCGT	GCAAAGAAGC	GGGTTCTTCG	GAAAGCCCTC	1320
GAGCATGTTT	CAAATCTGGT	TCGCTTGTGG	AAAGCAGCCG	TTGAGCTGGA	AGAACCTGAA	1380
GATGCTAGAA	TCATGCTGAG	CCGAGCTGTG	GAGTGCTGCC	CCACCAGCGT	GGAGCTCTGG	1440
CTTGCTCTGG	CAAGGCTGGA	GACCTATGAA	AATGCCCGCA	AGGTCTTGAA	CAAGGCGCGG	1500
GAGAACATTC	CTACAGACCG	ACATATCTGG	ATCAGCGCTG	CTAAGCTGGA	GGAAGCCAAT	1560
GGGAACACGC	AGATGGTGGA	GAAGATCATC	GACCGAGCCA	TCACCTCGCT	GCGGGCCAAC	1620
GGTGTGGAGA	TCAACCGTGA	GCAGTGGATC	CAGGATGCCG	AGGAATGTGA	CAGGGCTGGG	1680
AGTGTGGCCA	CCTGCCAGGC	CGTCATGCGT	GCCGTGATTG	GGATTGGGAT	TGAGGAGGAA	1740
GATCGGAAGC	ATACCTGGAT	GGAGGATGCT	GACAGTTGTG	TAGCCACAA	TGCCCTGGAG	1800
TGTGCACGAG	CCATCTACGC	CTACGCCCTG	CAGGTGTTCC	CCAGCAAGAA	GAGTGTGTGG	1860
CTGCGCGCCG	CGTACTTCGA	GAAGAACCAT	GGCACTCGGG	AGTCCCTGGA	AGCACTCCTG	1920
CAGAGGGCTG	TGGCCCACTG	CCCCAAAGCA	GAGGTGCTGT	GGCTCATGGG	CGCCAAGTCC	1980
AAGTGGCTGG	CAGGGGATGT	GCCTGCAGCA	AGGAGCATCC	TGGCCCTGGC	CTTCCAGGCC	2040
AACCCCAACA	GTGAGGAGAT	CTGGCTGGCA	GCCGTGAAGC	TGGAGTCCGA	GAATGATGAG	2100
TACGAGCGGG	CCCGGAGGCT	GCTGGCCAAG	GCGCGGACAG	TGCCCCACC	GCCCGGGTGT	2160
TCATGAAGTC	TGTGAAGCTG	GAGTGGGTGC	AAGACAACAT	CAGGGCAGCC	CAAGATCTGT	2220
GCGAGGAGGC	CCTGCGGCAC	TATGAGGACT	TCCCCAAGCT	GTGGATGATG	AAGGGGCAGA	2280
TCGAGGAGCA	GAAGGAGATG	ATGGAGAAGG	CGCGGGAAGC	CTATAACCAG	GGGTTGAAGA	2340
AGTGTCCCCA	CTCCACACCC	CTGTGGCTTT	TGCTCTCTCG	GCTGGAGGAG	AAGATTGGGC	2400
AGCTTACTCG	AGCACGGGCC	ATTTTGGAAA	AGTCTCGTCT	GAAGAACCCA	AAGAACCCTG	2460
GGCTGTGGTT	GGAGTCCGTG	CGGCTGGAGT	ACCGTGCGGG	GCTGAAGAAC	ATCGCAAATA	2520
CACTCATGGC	CAAGGCGCTG	CAGGAGTGCC	CCAACTCCGG	TATCCTGTGG	TCTGAGGCCA	2580
TCTTCCTCGA	GGCAAGGCC	CAGAGGAGGA	CCAAGAGCGT	GGATGCCCTG	AAGAAGTGTG	2640
AGCATGACCC	CCATGTGCTC	CTGGCCGTGG	CCAAGCTGTT	TTGGAGTCAG	CGGAAGATCA	2700
CCAAGGCCAG	GGAGTGGTTC	CACCGCACTG	TGAAGATTGA	CTCGGACCTG	GGGGATGCCT	2760
GGGCCTTCTT	CTACAAGTTT	GAGCTGCAGC	ATGGCACTGA	GGAGCAGCAG	GAGGAGGTGA	2820
GGAAGCGCTG	TGAGAGTGCA	GAGCCTCGGC	ATGGGGAGCT	GTGGTGCGCC	GTGTCCAAGG	2880
ACATCGCCAA	CTGGCAGAAG	AAGATCGGGG	ACATCCTTAG	GCTGGTGGCC	GGCCGCATCA	2940
AGAACACCTT	CTGATTGAGC	GGTTGCCATG	GCCGGTCTCC	GTGGGGCAGG	GTTGGGCCGC	3000
ATGTGGAAGG	GCTCTGAGCT	GTGTCCTCCT	TCATTAAAAG	TTTTTATGTC	TCGTGTCAGA	3060
AAAAAAAAGA	AAAGAAAAAA	GGGGGCGCCC	GGGGGC			3096

SSTCPPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP

109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60  
AEKKSSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPPRTVP GLAPGCRGSA EGASCPISLA120  
NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTPNPSLC LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTGPGYPGGL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTEF DQYLNCSRTR PDAPGLPYHV 60  
ALAKLGPRAM SCPESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WVGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60  
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120  
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWG G AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLRSVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAHVW LTTRSSPFV 60  
SRFLQHANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRSLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKRSR KINKTFLTNS CTIFSFLPV DEKSGLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60  
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFQAA SPKELTLQKG DIVYIHKEVD120  
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPADDEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180  
FRKGEHICLI RKNVENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240  
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300  
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWVFGVS360  
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```
MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK      236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```
MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI120
SLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLQGWNKTMD GKADVSFVLF FDCNNEICIE180
RCLER GKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV240
QIFDKEG                                     247
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGPLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T                                     181
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 33-35

Die Patentansprüche 33-35 beziehen sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Produkte und deren Verwendungen, welche sich weder im Sinne von Artikel 6 PCT auf die Beschreibung stützen und welche noch im Sinne von Artikel 5 PCT als in der Patentanmeldung als offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den angestrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Für besagt Produkte und deren Verwendung wurde daher keine Recherche durchgeführt.



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)
2. Ansprüche: 1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 2,  
sowie 78-80 beziehen)
3. Ansprüche: 1-37 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 3 und 82 beziehen)
4. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 4 und 83 beziehen)
5. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 5 und 84 beziehen)
6. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 10 und 85 beziehen  
)
7. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 11 und 87 beziehen  
)
8. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 12 und 88 beziehen  
)
9. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 13 und 89 beziehen  
)



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

10. Ansprüche: 1-3 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 14 und 19 beziehen  
)

11. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 15 und 91 beziehen  
)

12. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 18 und 92 beziehen  
)

13. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 19 und 93 beziehen  
)

14. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 21 und 95 beziehen)

15. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 22 und 96 beziehen  
)

16. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 23 und 97 beziehen  
)

17. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 24 sowie 98 und 99  
beziehen)



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

18. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 25 sowie 100 -  
103 beziehen)
19. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 28 und 104 beziehe  
n)
20. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 30 sowie 105 -  
107 beziehen)
21. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 31 und 108 beziehe  
n)
22. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 34 und 112 beziehe  
n)
23. Ansprüche: 1-37 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 37 und 113 beziehe  
n)
24. Ansprüche: 1-36 (teilweise ,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 42 und 114 beziehen  
)
25. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 43 und 115 -  
117 beziehen)





## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

26. Ansprüche: 1-37 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 45 und 119 beziehe  
n)

27. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 48 und 122 beziehe  
n)

28. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 50 sowie 124 und 1  
25 beziehen)

29. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 51 und 126 beziehe  
n)

30. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 53 und 128 beziehe  
n)

31. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 54 und 129 beziehe  
n)

32. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 57 und 131 beziehe  
n)

33. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 58 sowie 132 und 1



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

33 beziehen)

34. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 59 und 135 beziehe  
n)

35. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 60 und 137 beziehe  
n)

36. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 61 und 138 beziehe  
n)

37. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 62 sowie 139 -  
141 beziehen)

38. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 63 sowie 142 -  
145 beziehen)

39. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 64 und 146 beziehe  
n)

40. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 65 und 147 beziehe  
n)

41. Ansprüche: 1-36 (teilweise,



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 68 und 148 beziehe  
n)

42. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 69 sowie 149 und 1  
50 beziehen)

43. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 71 und 151 beziehe  
n)

44. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 72 sowie 152 -  
156 beziehen)

45. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 74 und 157 beziehe  
n)

46. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 76 sowie 158 -  
160 beziehen)

47. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 161 sowie 179 -  
181 beziehen)

48. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 162 sowie 182 und  
183 beziehen)



## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

49. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 163 und 184 beziehen)
50. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 164 sowie 185 und 186 beziehen)
51. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 165 sowie 187 und 188 beziehen)
52. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 166 und 189 beziehen)
53. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 167 sowie 190 und 191 beziehen)
54. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 168 und 192 beziehen)
55. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 169 sowie 193 und 194 beziehen)
56. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 170 sowie 195 und 196 beziehen)





## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

57. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 171 sowie 197 und  
198 beziehen)
58. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 172 und 199 bezieh  
en)
59. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 173 und 200 bezieh  
en)
60. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 174 und 201 bezieh  
en)
61. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 175 sowie 202 und  
203 beziehen)
62. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 176 sowie 204 und  
205 beziehen)
63. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 177 sowie 206 und  
207 beziehen)
64. Ansprüche: 1-36 (teilweise,  
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 178 sowie 208 und  
209 beziehen)



**WEITERE ANGABEN**

**PCT/ISA/ 210**



09/646569

428 Rec'd PCT/PTO 20 SEP 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE

INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification<sup>6</sup>:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/47655

(43) International Publication Date: September 23, 1999 (9/23/99)

(21) International File Number: PCT/DE99/00909

(22) International Application Date: March 19, 1999 (3/19/99)

(30) Priority Data: 198 13 835.0 March 20, 1998 (3/20/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN  
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,  
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];  
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd  
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,  
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).  
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-  
01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-  
Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André  
[DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,  
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).



1?  
Published

Without international search report and to be republished  
after receipt of the report.

(54) **Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST  
TISSUE

(57) **Abstract**

Human nucleic acid sequences -- mRNA, cDNA, genomic  
sequences -- from breast tissue, which code for gene products or  
parts thereof, and their use, are described. In addition, the  
polypeptides that can be obtained by way of the sequences and  
their use are described.





FOR INFORMATION ONLY

Codes used for identifying PCT member countries on the head sheets of the publications of international applications according to the PCT.

AL	Albania
AM	Armenia
AT	Austria
AU	Australia
AZ	Azerbaijan
BA	Bosnia-Herzegovina
BB	Barbados
BE	Belgium
BF	Burkina Faso
BG	Bulgaria
BJ	Benin
BR	Brazil
BY	Belarus
CA	Canada
CF	Central African Republic
CG	Congo
CH	Switzerland
CI	Ivory Coast
CM	Cameroon
CN	China
CU	Cuba
CZ	The Czech Republic
DE	Germany
DK	Denmark
EE	Estonia
ES	Spain
FI	Finland
FR	France
GA	Gabon
GB	United Kingdom
GE	Georgia
GH	Ghana
GN	Guinea
GR	Greece
HU	Hungary
IE	Ireland
IL	Israel
IS	Iceland
IT	Italy
JP	Japan
KE	Kenya
KG	Kyrgyzstan
KP	Democratic People's Republic of Korea
KR	Republic of Korea
KZ	Kazakhstan



LC	St. Lucia
LI	Liechtenstein
LK	Sri Lanka
LR	Liberia
LS	Lesotho
LT	Lithuania
LU	Luxembourg
LV	Latvia
MC	Monaco
MD	Republic of Moldova
MG	Madagascar
MK	the former Yugoslavian Republic of Macedonia
ML	Mali
MN	Mongolia
MR	Mauritania
MW	Malawi
MX	Mexico
NE	Niger
NL	The Netherlands
NO	Norway
NZ	New Zealand
PL	Poland
PT	Portugal
RO	Romania
RU	Russian Federation
SD	Sudan
SE	Sweden
SG	Singapore
SI	Slovenia
SK	Slovakian Republic
SN	Senegal
SZ	Swaziland
TD	Chad
TG	Togo
TJ	Tajikistan
TM	Turkmenistan
TR	Turkey
TT	Trinidad and Tobago
UA	The Ukraine
UG	Uganda
US	United States of America
UZ	Uzbekistan
VN	Vietnam
YU	Yugoslavia
ZW	Zimbabwe



## PATENT COOPERATION TREATY

PCT

## NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Assistant Commissioner for Patents  
United States Patent and Trademark  
Office  
Box PCT  
Washington, D.C.20231  
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

<b>Date of mailing</b> (day/month/year) 23 November 1999 (23.11.99)	
<b>International application No.</b> PCT/DE99/00909	<b>Applicant's or agent's file reference</b> 51572AWOM1XX24-P
<b>International filing date</b> (day/month/year) 19 March 1999 (19.03.99)	<b>Priority date</b> (day/month/year) 20 March 1998 (20.03.98)
<b>Applicant</b> SPECHT, Thomas et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:



in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:

08 October 1999 (08.10.99)



in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election ☒ was

was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

<b>The International Bureau of WIPO</b> 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	<b>Authorized officer</b>  Antonia Muller
Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Telephone No.: (41-22) 338.83.38



## PATENT COOPERATION TREATY

RECEIVED

## PCT

## INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

JAN 11 2001

TECH CENTER 1600/2900

Applicant's or agent's file reference 51572AWOM1XX24-P	<b>FOR FURTHER ACTION</b> See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416)	
International application No. PCT/DE99/00909	International filing date (day/month/year) 19 March 1999 (19.03.99)	Priority date (day/month/year) 20 March 1998 (20.03.98)
International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C12N 15/00		
Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH		

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.
2. This REPORT consists of a total of 6 sheets, including this cover sheet.

☐ This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).

These annexes consist of a total of \_\_\_\_\_ sheets.

3. This report contains indications relating to the following items:

- I ☒ Basis of the report
- II ☐ Priority
- III ☒ Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- IV ☐ Lack of unity of invention
- V ☒ Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- VI ☐ Certain documents cited
- VII ☐ Certain defects in the international application
- VIII ☒ Certain observations on the international application

Date of submission of the demand 08 October 1999 (08.10.99)	Date of completion of this report 26 July 2000 (26.07.2000)
Name and mailing address of the IPEA/EP	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.





## INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

## I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of (Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.):

☐ the international application as originally filed.

☒ the description, pages 1-243, as originally filed,  
pages \_\_\_\_\_, filed with the demand,  
pages \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_  
pages \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_

☒ the claims, Nos. 1-37, as originally filed,  
Nos. \_\_\_\_\_, as amended under Article 19,  
Nos. \_\_\_\_\_, filed with the demand,  
Nos. \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_,  
Nos. \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_

☒ the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,  
sheets/fig \_\_\_\_\_, filed with the demand,  
sheets/fig \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_,  
sheets/fig \_\_\_\_\_, filed with the letter of \_\_\_\_\_

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

☐ the description, pages \_\_\_\_\_

☐ the claims, Nos. \_\_\_\_\_

☐ the drawings, sheets/fig \_\_\_\_\_

3. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:

RECEIVED

JAN 11 2001

TECH CENTER 1600/2900



# INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/00909

## III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- ☐ the entire international application.
- ☒ claims Nos. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37.

because:

- ☐ the said international application, or the said claims Nos. \_\_\_\_\_  
relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- ☐ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. \_\_\_\_\_  
are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

- ☐ the claims, or said claims Nos. \_\_\_\_\_ are so inadequately supported  
by the description that no meaningful opinion could be formed.

- ☒ no international search report has been established for said claims Nos. 1-32(partially), 33-35, 36(partially), 37.



# INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

## I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of *(Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.)*:

A sequence protocol comprising pages 108-243 of the description (SEQ. ID. Nos. 1-209) is part of the application.



## INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

**V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement**

## 1. Statement

Novelty (N)	Claims	5, 6, 11-21, 25-31	YES
	Claims	1-3, 7-10, 22-24, 32, 36	NO
Inventive step (IS)	Claims		YES
	Claims	1-32, 36	NO
Industrial applicability (IA)	Claims	1-32, 36	YES
	Claims		NO

## 2. Citations and explanations

The following examination refers to Claims 1-32 and 36, insofar as they concern SEQ. ID. Nos. 1 and 77.

**Novelty (PCT Article 33(2))**

Claim 1 concerns nucleic acid fragments that code for a gene product or section thereof. The claim is therefore understood to refer to the entire sequence contained in SEQ. ID. No. 1, but also to sections thereof. This also applies to protein Claims 22-24. Claims 1-3, 7-10, 22-24, 32 and 36 are therefore anticipated by D1 (Marra, M. et al.: 'WashU-HHMI Mouse EST Project': vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5", EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20 November 1997), D2 (Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5', EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14 December 1996) and D3 (Marra, M. et al.: 'The WashU-HHMI Mouse EST Project': vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5', EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17 March 1998) (PCT Article 33(2)).

D1, D2 and D3 are ESTs which overlap with the following





sections of SEQ. ID. Nos. 1 or 77:

D1: amino acids 1-191 of D1 are 96.3% identical to amino acids 104-295 of SEQ. ID. No. 77. Base pairs 1-574 are 86.8% identical to base pairs 308-882 of SEQ. ID. No. 1. The cited nucleic acid fragment in D1 codes for part of SEQ. ID. No. 1 and also indirectly describes a complementary or hybridising fragment. The fact that it was isolated from heart tissue and not from breast tissue is irrelevant to the nature of the fragment. The nucleic acid fragment codes for a biologically active polypeptide, the biological activity of which can be, for example, immunoreactivity.

D2: amino acids 15-133 of D2 are 99.2% identical to amino acids 1-118 of SEQ. ID. No. 77.

D3: amino acids 5-158 of D3 are 97.4% identical to amino acids 143-295 of SEQ. ID. No. 77.

The subject matter of Claims 5, 6, 11-21 and 25-31 is novel.

**Inventive step (PCT Article 33(3))**

Even if the novelty of the subject matter of all claims were assumed to be established, Claims 1-32 and 36 of the present application would not meet the requirements of PCT Article 33(3).

The claims concern a cDNA fragment isolated from a cDNA gene bank and a protein that includes the most favourable reading frame that can be derived from said fragment. The application does not give any indication of the expression of this protein or its biological function. As to the cDNA fragment, no relationship is actually shown, for example,



between its under-representation in breast tumour tissue and its possible use as a breast cancer indicator. The application therefore describes only transcribed or translated sequences without any known useful technical property. In this case, any prior art compound, whatever its technical properties, can be taken as the starting point for structural modifications and as the closest prior art. Consequently, the application addresses the problem of providing further compounds and extracts some of the many possibilities for solving this problem, that is SEQ. ID. Nos. 1 or 77 and their variants. However, this selection is arbitrary because it is not based on a technical effect resulting from the structural modifications. No inventive step can be acknowledged in such a selection. The subject matter of Claims 1-10, 22-24, 31, 32 and 36 therefore does not meet the requirements of PCT Article 33(3).

The use of the nucleic acid fragments in expression cartridges, host cells and antibodies derived from the coded polypeptides, and the use of the nucleic acid fragments for producing, for example, full-length genes, to name only some of the additional features of the further claims, are features that are known per se. Consequently, these claims can only be considered inventive in connection with novel and inventive nucleic acid fragments or polypeptides. In view of the above, however, no inventive step can be acknowledged in the subject matter of Claims 11-21 and 25-30 either.



# INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00909

## VIII. Certain observations on the international application

The following observations on the clarity of the claims, description, and drawings or on the question whether the claims are fully supported by the description, are made:

An invention should normally provide a solution to a problem. In the present application, however, the "invention" is neither disclosed nor clearly defined in the claims, and the reader is therefore faced with the task of carrying out the invention and determining the problem solved by the hypothetical nucleic acid and polypeptide fragments. Consequently, the application does not meet the requirements of PCT Articles 5 and 6.



**PCT**WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21,</b> <b>5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68,</b> <b>G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00</b>	<b>A3</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655</b>  <b>(43) Internationales</b> <b>Veröffentlichungsdatum:</b> 23. September 1999 (23.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00909  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. März 1999 (19.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 13 835.0      20. März 1998 (20.03.98) <b>DE</b>  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i>  <b>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts:</b> 6. Juli 2000 (06.07.00)	
		<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID FRAGMENTS WITH HEIGHTENED EXPRESSION IN NORMAL BREAST TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE- ERHÖHT IST  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						